



今日から始めるHLA Vol.4 LABType入門

HLA Fusionを使用したLABTypeの解析

株式会社ベリタス

2024/2/29

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

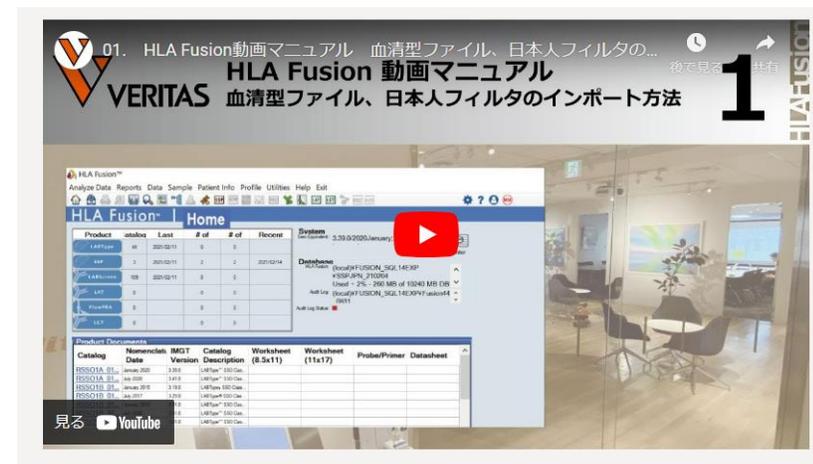
種類	内容	更新タイミング	最新版（2024/2月現在）
血清型ファイル	すべてのアレル・血清型のリスト	年2回	sero_equivalent_2023July
カタログファイル	試薬に使われているビーズ番号と対応アレルの情報	ロット変更時 ※同一ロットの場合年2回 + 随時	IMGT 3.53/2023 July対応のファイル
日本人フィルタ	日本人推定アレル一覧表に記載されているアレルのリスト	年2回	ver1_2023_Jul_2023JSHI_allelefilter

• インポート方法の動画マニュアル

- ベリタスTopページ > HLA > HLAトップ
- ラーニングコーナー HLA記事「動画で学ぶ HLAをより深く知るために」
- マニュアル動画の項目
- <https://www.veritastk.co.jp/sciencelibrary/learning/hla-video-compilation.html>

• スライド資料

- ベリタスTopページ>HLA>解析ソフト設定ファイル
- 各ファイル・フィルターのインポートマニュアルがあります



カタログファイルについて

- カタログファイル名は「**製品コード_Lot_バージョン**」
 - SSO A Locus Lot 019 の最新版 : RSSO1A_019_02
 - XR DR Locus Lot 006 の最新版 : RSSOX2B_006_07
- 最新のファイルは弊社ウェブページよりダウンロード可能です
 - ベリタストップ画面>HLA>解析ソフト設定ファイル>HLA Fusionカタログファイル
 - https://www.veritastk.co.jp/hla/setting_file_fusion_catalogue.html



LABType カタログファイル (2023 July版 血清型ファイル対応) 2023/11/27更新 LABType SSO HLA A Locus

試薬ロット	カタログファイル
018	RSSO1A_018_04
019	RSSO1A_019_02

LABType SSO HLA B Locus

試薬ロット	カタログファイル
022	RSSO1B_022_05
023	RSSO1B_023_01

- 日本組織適合性学会（JSHI）発表のHLA 推定アレル一覧表を元に弊社で作成
 - 推定アレル一覧表に含まれるか否かによって、結果がG1～G3に分類される

	HLA 推定アレル一覧表に含まれるか	
	アレル1	アレル2
G1	○	○
G2	○	×
	×	○
G3	×	×

日本人フィルタに含まれるアレルは青でハイライト表示されます

G1

A*02:01:01:01	A*02:01:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:03:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:05:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:06:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:07:01:01	G1
A*02:01:01:01	A*02:10	G1
A*02:01:01:01	A*02:15N	G1
A*02:01:01:01	A*02:18	G1

G2

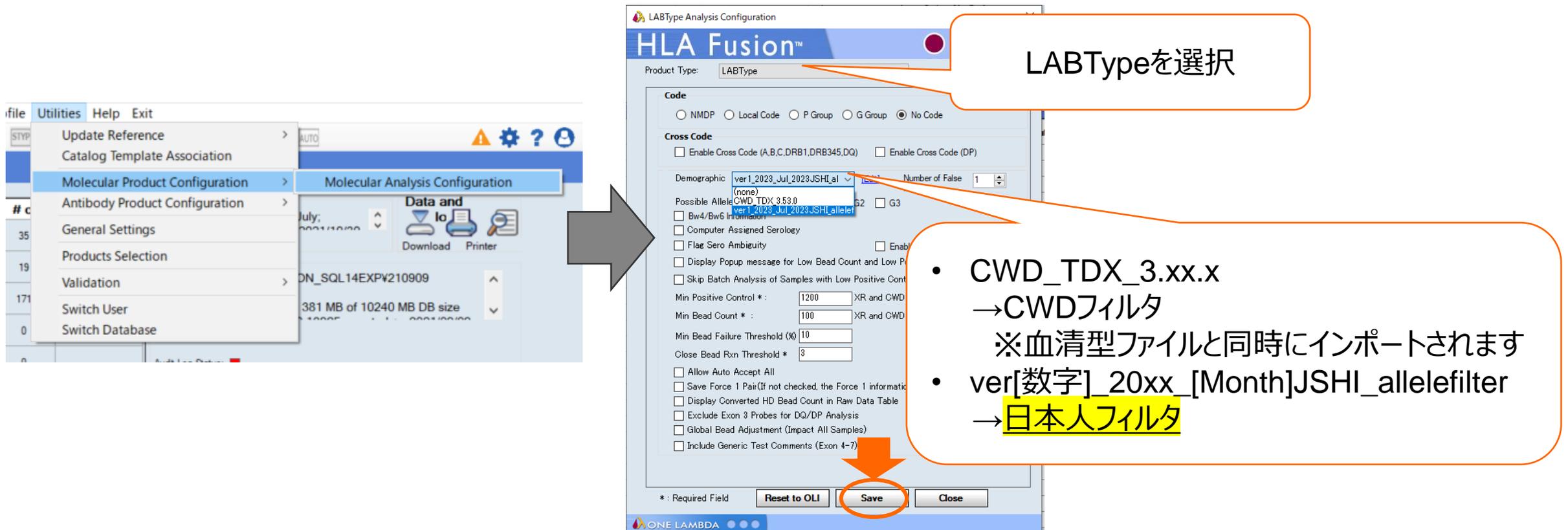
A*02:01:01:01	A*02:01:01:03	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:04	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:05	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:06	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:07	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:08	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:09	G2
A*02:01:01:01	A*02:01:01:10	G2

G3

A*02:01:01:02L	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:02L	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:03	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:04	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:05	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:06	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:07	G3
A*02:01:01:03	A*02:01:01:08	G3

日本人フィルタのセット（初回および更新時）

- インポート方法は動画・マニュアル参照
- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configuration
- 最新の日本人フィルタを選択しSaveで保存



LABType Analysis Configuration

HLA Fusion™

Product Type: LABType

Code

NMDP Local Code P Group G Group No Code

Cross Code

Enable Cross Code (A.B.C.DRB1.DRB345.DQ) Enable Cross Code (DP)

Demographic: ver1_2023_Jul_2023.JSHI_al Number of False: 1

Possible Allele: CWD_TDX_3.53.0

Bw4/Bw6 Information G2 G3

Computer Assigned Serology

Flag Sero Ambiguity Enable

Display Popup message for Low Bead Count and Low P

Skip Batch Analysis of Samples with Low Positive Cont

Min Positive Control *: 1200 XR and CWD

Min Bead Count *: 100 XR and CWD

Min Bead Failure Threshold (%): 10

Close Bead Rxn Threshold *: 3

Allow Auto Accept All

Save Force 1 Pair (If not checked, the Force 1 informati

Display Converted HD Bead Count in Raw Data Table

Exclude Exon 3 Probes for DQ/DP Analysis

Global Bead Adjustment (Impact All Samples)

Include Generic Test Comments (Exon 4-7)

* : Required Field

Reset to OLI Save Close

LABTypeを選択

- CWD_TDX_3.xx.x
→CWDフィルタ
※血清型ファイルと同時にインポートされます
- ver[数字]_20xx_[Month]JSHI_allelefilter
→日本人フィルタ

インポートしたファイルの確認

- 血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのIMGTバージョンが同じことを確認する

Home画面

血清型ファイルのバージョン
3.53.0/2023July

カタログファイルのバージョン
3.53.0

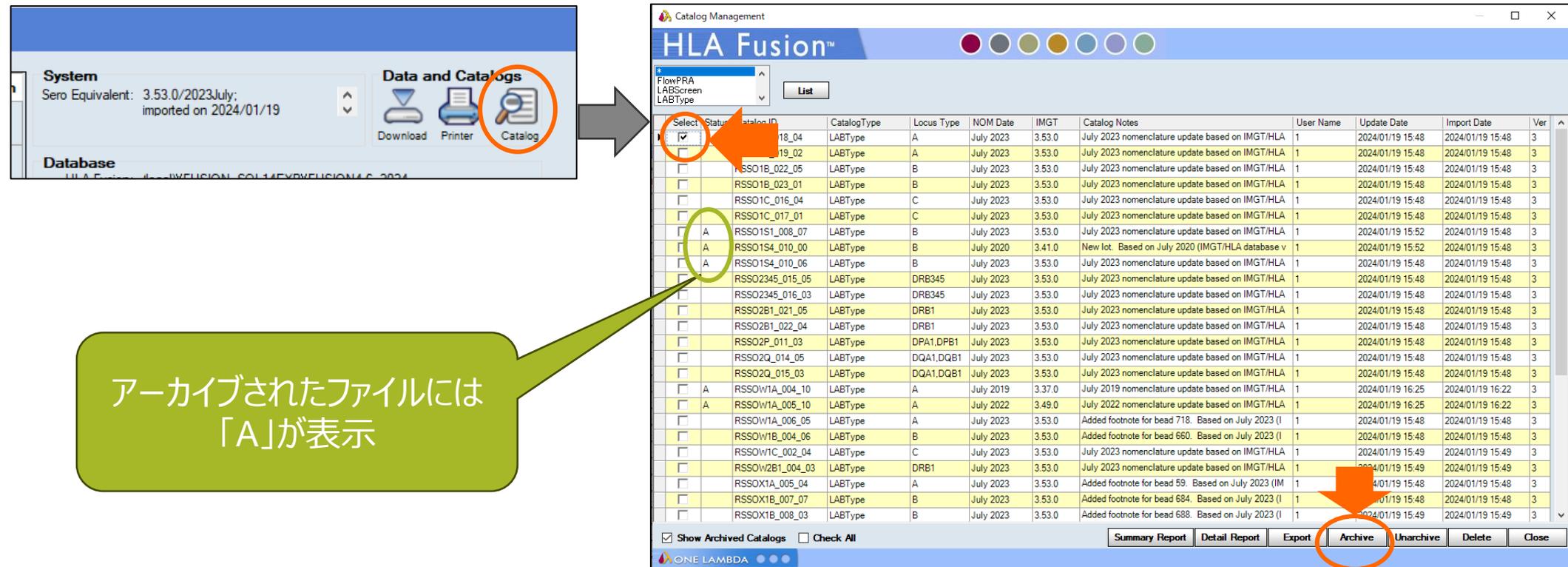
Catalog	Nomenclature Date	IMGT Version	Catalog Description	Worksheet (8.5x11)	Worksheet (11x17)	Probe/Primer	Datasheet
RSS01A_018_04	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
RSS01A_019_02	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
RSS01B_022_05	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS01B_023_01	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS01C_016_04	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS01C_017_01	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS02345_015_05	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS02345_016_03	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				
RSS02B1_021_05	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
RSS02B1_022_04	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Clas...				
RSS02B_011_03	July 2023	3.53.0	LABType™ SSO Cl...				

データインポート画面右上

日本人フィルタのバージョン
2023_Jul

参考) カタログファイルのアーカイブ方法

- 旧ロットのカタログファイルはアーカイブすることをおすすめします
 - アーカイブするとカタログリストに表示されません
- Home画面上の「Catalog」をクリック
- アーカイブするカタログファイルにチェックを入れ、「Archive」をクリック



System
Sero Equivalent: 3.53.0/2023July;
imported on 2024/01/19

Data and Catalogs
Download Printer **Catalog**

Database
HLA Fusion

HLA Fusion™

Select	Status	Catalog ID	Catalog Type	Locus Type	NOM Date	IMGT	Catalog Notes	User Name	Update Date	Import Date	Ver
<input checked="" type="checkbox"/>		18_04	LABType	A	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input checked="" type="checkbox"/>		19_02	LABType	A	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1B_022_05	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1B_023_01	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1C_016_04	LABType	C	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO1C_017_01	LABType	C	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSO1S1_008_07	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:52	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSO1S4_010_00	LABType	B	July 2020	3.41.0	New lot. Based on July 2020 (IMGT/HLA database v	1	2024/01/19 15:52	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSO1S4_010_06	LABType	B	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2345_015_05	LABType	DRB345	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2345_016_03	LABType	DRB345	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2B1_021_05	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2B1_022_04	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2P_011_03	LABType	DPA1,DPB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2Q_014_05	LABType	DQA1,DQB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSO2Q_015_03	LABType	DQA1,DQB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSOW1A_004_10	LABType	A	July 2019	3.37.0	July 2019 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 16:25	2024/01/19 16:22	3
<input type="checkbox"/>	A	RSSOW1A_005_10	LABType	A	July 2022	3.49.0	July 2022 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 16:25	2024/01/19 16:22	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1A_006_05	LABType	A	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 718. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1B_004_06	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 660. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW1C_002_04	LABType	C	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3
<input type="checkbox"/>		RSSOW2B1_004_03	LABType	DRB1	July 2023	3.53.0	July 2023 nomenclature update based on IMGT/HLA	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1A_005_04	LABType	A	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 59. Based on July 2023 (IM	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1B_007_07	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 684. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:48	2024/01/19 15:48	3
<input type="checkbox"/>		RSSOX1B_008_03	LABType	B	July 2023	3.53.0	Added footnote for bead 688. Based on July 2023 (I	1	2024/01/19 15:49	2024/01/19 15:49	3

Show Archived Catalogs Check All

Summary Report Detail Report Export **Archive** Unarchive Delete Close

ONE LAMBDA

アーカイブされたファイルには「A」が表示

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

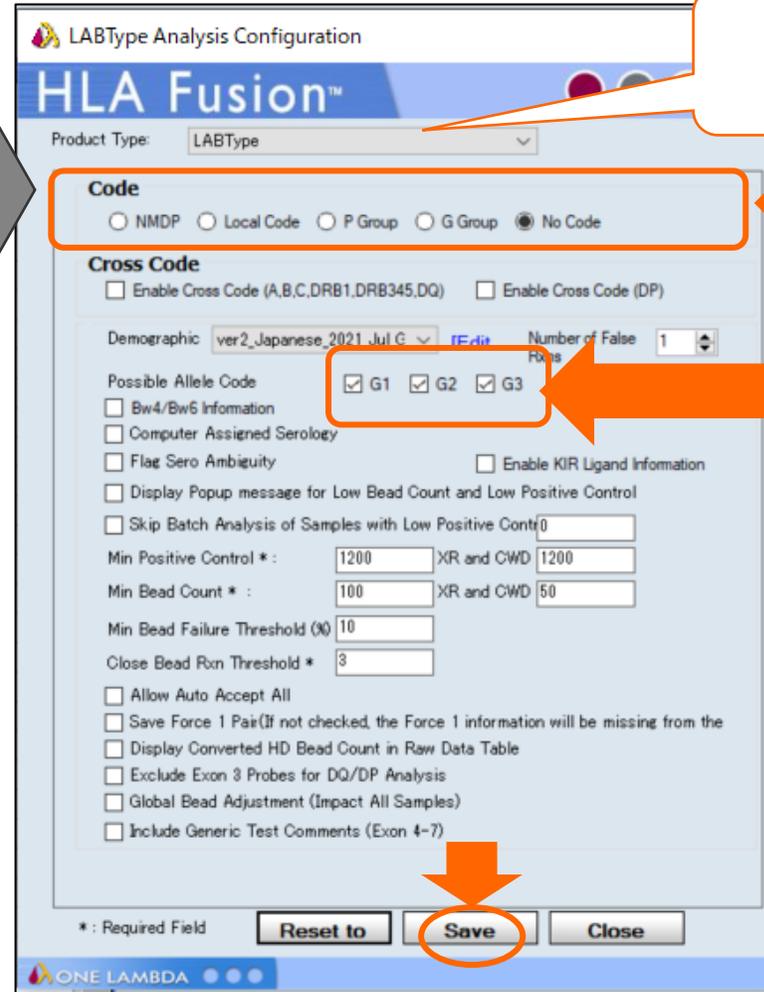
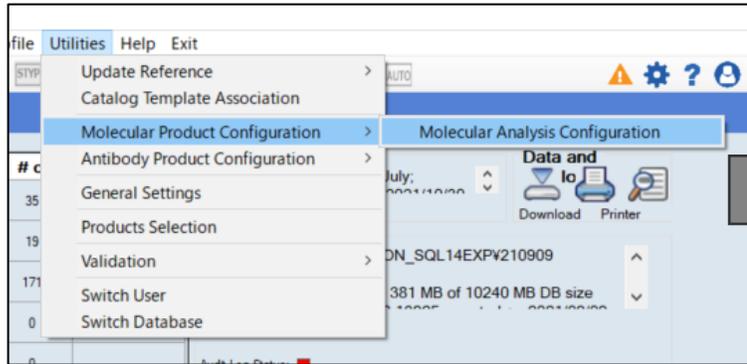
csvファイルのインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

解析の設定 (初回のみ)

- Molecular Product Configuration>Molecular Analysis Configurationで設定



LABTypeを選択



アレル表示形式の設定
推奨は「No Code」



結果に表示するグループの設定
推奨はG1~G3すべてにチェック

変更後は「Save」で保存

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

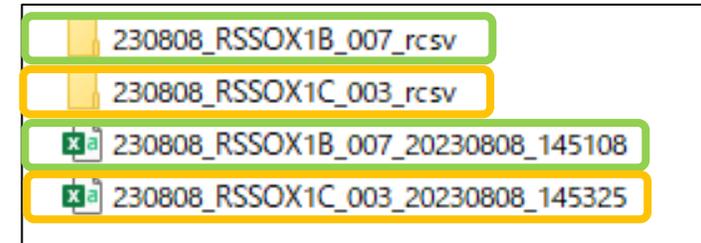
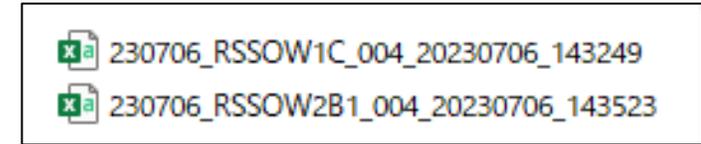
測定ファイル（csvファイル）のインポート

測定結果の確認、アサイン

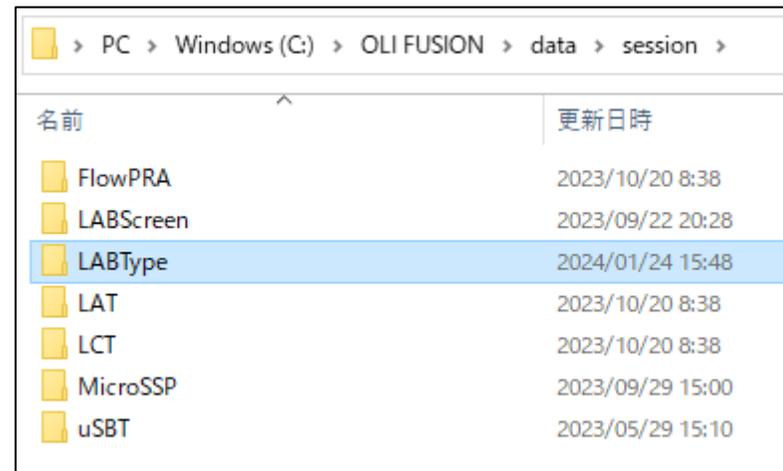
結果の保存、レポート出力

測定ファイルの準備

- LABScan測定ファイルを用意する
 - SSO A/C/DR/DQ、CWD全ローカス： csvファイルのみ
 - ※rcsvフォルダがあっても問題ありません
 - SSO B/DP、XR全ローカス： csvファイル + rcsvフォルダ



- 解析PCにファイルをコピーする
 - 推奨はsessionフォルダ (Windows(C:) > OLI Fusion > data > session > LABType)



データのインポート①インポート画面の立ち上げ

- TOP画面のLABTypeあるいはアイコンをクリック

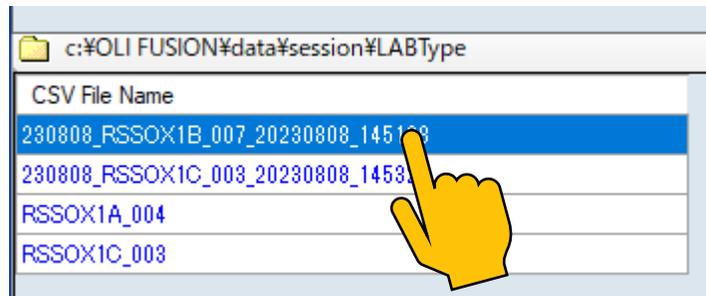
データインポート画面

The screenshot shows the HLA Fusion LABType import interface. On the left, the 'Home' page has a 'LABType' icon circled in red. Below it, a table lists LABType products: LABType (24 catalogs, 0 sessions), SSP (0 catalogs, 0 sessions), and LABScreen (8 catalogs, 1 session). A red box highlights the 'LABType' row. A large arrow points from this row to the 'LABType' section of the main interface.

The main interface is titled 'HLA Fusion™ | LABType'. It features a table of 'Locus Type' with columns for Catalogs, Last Updated, # of Sessions, # of Tests, and Recent Session. Below this is a 'Product Documents' table with columns for Catalog, Nomenclature Date, IMGT Version, Catalog Description, and Worksheets. A red box highlights the 'Allele Frequency Filter' field, which is set to 'ver1_2023_Jul_2023JSHI_allelefilter'. Another red box highlights the '未取り込みデータ' (Not Imported Data) section, which lists CSV files like '230808_RSSOX1B_007_20230808_145108'. A third red box highlights the 'カタログファイル情報' (Catalog File Information) section, which lists various catalog entries. A fourth red box highlights the '解析に使用する日本人フィルタ' (Japanese Filter Used for Analysis) section, which is set to 'ver1_2023_Jul_2023JSHI_allelefilter'. A fifth red box highlights the '取り込み済データ' (Imported Data) section, which lists imported data items like '230706_RSSOW2B1_004_2023'.

データのインポート②データの選択、情報入力

- 画面左側のリストからインポートしたいファイル名をクリック
- 必要に応じてセッション名の編集、検体情報追加を行う



セッション名

Luminex : 4.3.309.1 / SN FM3DD14231002 Template : RSSOX1B_007_LS3D_42

Session ID : 230808_RSSOX1B_007_20230808_145108_HD Date : 2023/08/08 Samples : 2

File Path : c:\OLI FUSION\data\session\LABType\230808_RSSOX1B_007_20230808_145108.csv

Catalog ID : RSSOX1B_007_07 NOM/Img: July 2023/3.53.0

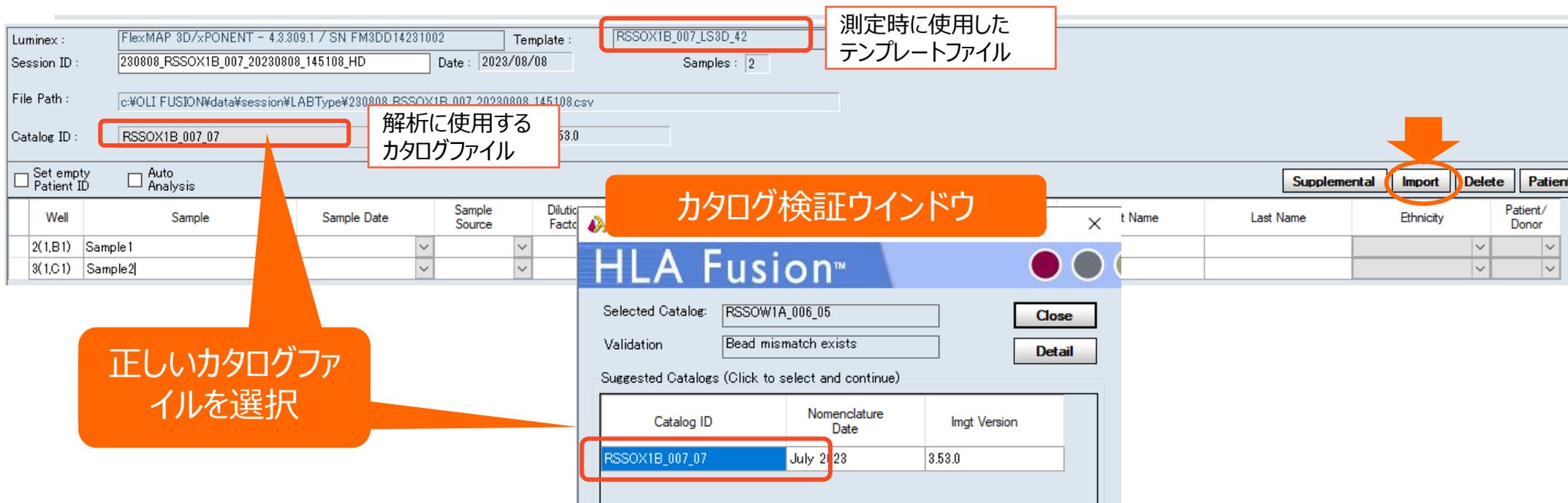
Set empty Patient ID Auto Analysis **Supplemental** **Import** **Delete** **Patient**

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/Donor
2(1,B1)	Sample1				5949	50	Y					
3(1,C1)	Sample2											

Sample名等、検体情報を入力できます

データのインポート③カタログファイルの選択、データのインポート

- 自動でカタログファイルが選択されるので、テンプレートファイル名などを参考に正しいファイルか確認する
 - 製品名、ロット、IMGTのバージョン
- 異なるカタログファイルが選択されている場合
 - カタログ検証ウインドウの候補から正しいカタログファイルを選択する
 - Catalog IDのプルダウンから選択することも可能
- 確認後Importボタンをクリックする



測定時に使用したテンプレートファイル

解析に使用するカタログファイル

カタログ検証ウインドウ

正しいカタログファイルを選択

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor
2(1,B1)	Sample1			
3(1,C1)	Sample2			

Catalog ID	Nomenclature Date	Imgt Version
RSSOX1B_007_07	July 2023	3.53.0

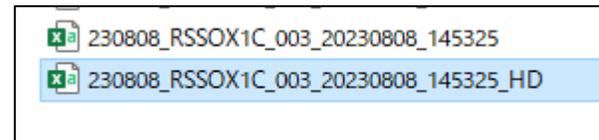
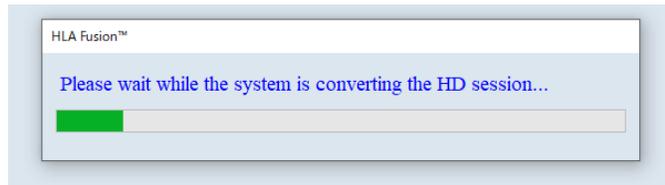
データのインポート④インポート後

- インポートが成功するとNavigatorタブにデータが表示される

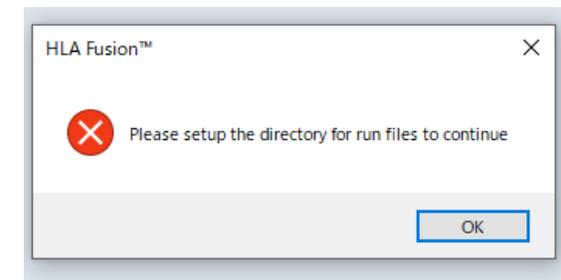


解析していないデータは青字で表示される

- rcsvフォルダがある場合、インポート後に新しく「**HDファイル**」が生成される
 - HDファイルが作成された後はHDファイルのみで再インポート可能



- 「Please setup the directory...」エラーが出た場合
 - **rcsvフォルダが無い場合**に示される
 - rcsvフォルダを保存し再度インポートを行ってください



⚠ 異なるカタログファイルを指定してインポートしてしまった場合

- csvファイルの再インポートが必要です
 - HDファイルの修正（カタログの再指定）はできません
- csvファイルの再インポート方法
 - インポート画面で「Include imported」にチェックを入れる
 - 再インポートしたいcsvファイルを選択
 - 正しいカタログファイルを選択しインポート
 - 古いHDファイルが残っている場合はSession IDの名前を変更する
 - Session IDが同じ場合、Importするとエラーが出ます

LABType

Include Imported

c:\%OLI FUSION\data\%session%\LABType

CSV File Name

230706_RSSOW1C_004_20230706_143249
230706_RSSOW2B1_004_20230706_143523
230808_RSSOX1B_007_20230808_145108
230808_RSSOX1B_007_20230808_145108_HD
230808_RSSOX1C_003_20230808_145325
230808_RSSOX1C_003_20230808_145325_HD

Luminex : FlexMAP 3D/xPONENT - 4.3.309.1 / SN FM3DD14231002

Session ID : 230808_RSSOX1B_007_20230808_145108_HD Date :

File Path : c:\%OLI FUSION\data\%session%\LABType\230808_RSSOX1B_007

Catalog ID : RSSOX1B_007_07 NOM/Imgt: July 2023/3.53.0

Set empty Patient ID Auto Analysis

Supplemental Import Delete Patient

Well	Sample	Sample Date	Sample Source	Dilution Factor	PC Values	Luminex Min Bead Cnt	Exist In DB	Patient ID	First Name	Last Name	Ethnicity	Patient/Donor
2(1,B1)	Sample1				5949	50	Y					
3(1,C1)	Sample2				6344	50	Y					

古いHDファイルがある場合は
変更する

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

インポート後のデータ確認 (Summaryタブ)

- データを取り込んだ後Navigatorからデータを選ぶ
- Summaryタブ : 測定した全検体の情報が一覧表示

Summary Control Value Bead Analysis

Match M : 2桁でアンビギュイティがある検体
 Match S : 2桁ではアンビギュイティがない検体
 False : 偽陽性、偽陰性のビーズがある検体
 Miss : 自動判定では結果が出ない検体

Session: RSSOX1A_004 Catalog: RSSOX1A_004_09 NOM: July 2023 - 3.53.0 Locus: A Session Date: 2024/02/19 Luminex

	Edit	Exclude	Position	Sample	Patient	Possible Allele Code 1	Possible Allele Code 2	Exon2	Exon3	Exon4&5	NC	System Comment
		<input type="checkbox"/>	1(1,A1)	Sample1		A*02:03:01:01:02:03:01:02:02:03:0	A*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:0	5827	7017	4168	5	
		<input type="checkbox"/>	2(1,B1)	Sample2		A*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:0	A*26:01:01:01:26:01:01:02:26:01:0	7333	6489	4040	8	
		<input type="checkbox"/>	3(1,C1)	Sample3		A*11:01:01:01:11:01:01:02:11:01:0	A*24:02:01:01:24:02:01:03:24:02:0	6753	5976	3717	12	
		<input type="checkbox"/>	4(1,D1)	Sample4				7963	5867	4228	9	
		<input type="checkbox"/>	5(1,E1)	Water				17	10	2	11	Low Positive Control (0032(10),0513(17),0654(21)). No Solution(A).

Field Chooser

- Analysis Date
- Analysis User
- Assigned Allele Code
- Assigned Allele Pairs
- Assigned Sero
- Bw
- Catalog
- Close Rxn
- Code Definition
- Confirm Date
- Confirm User
- Dilution Factor
- Edit
- Exclude
- False Rxn
- Family
- First Name
- G1
- G2
- G3
- Last Name
- Local ID

表示項目は変更、並べ替え可能

Positive Controlの値

Negative Controlの値

基準を満たしていない値は赤字で表示

○検体ごとに下記をすべて満たす必要がある

Positive control ビーズの値

- SSO : 1200-7000
- CWD、XR : 1000以上

試薬の種類、ローカスによりカバーするExonが異なる
→Positive controlビーズの数も試薬の種類、
ローカスにより異なる

Negative control ビーズの値

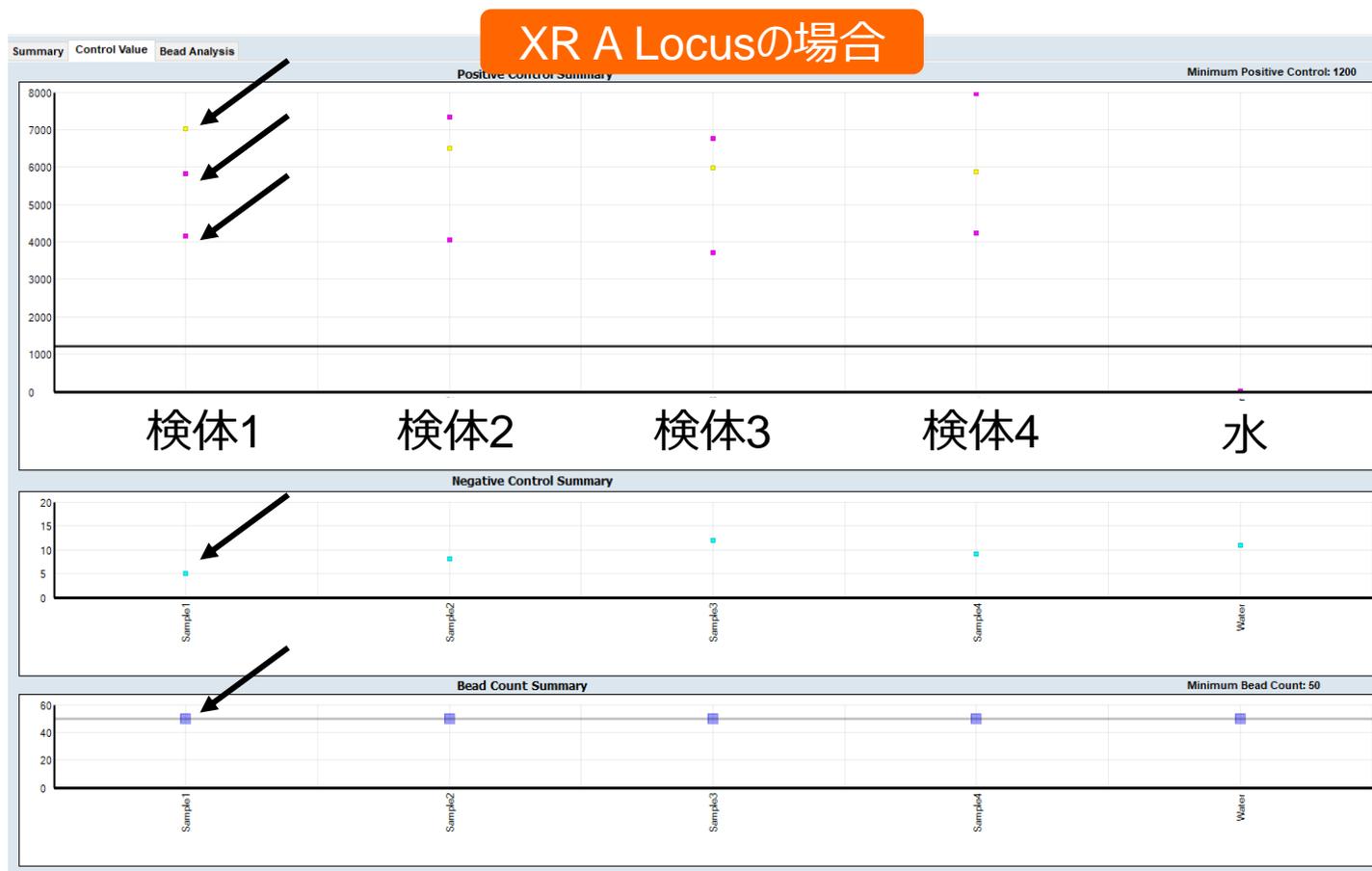
- SSO、CWD、XR : 100以下

ビーズカウントの値 (最低値)

- SSO : 75以上
- CWD、XR : 50以上

インポート後のデータ確認 (Control Valueタブ)

- 検体ごとに検査成立基準を満たしているかを確認する
- ネガティブコントロールサンプル（水）を測定している場合は増幅していないか確認



Positive Controlのカットオフ

- SSO : 1200-7000
- CWD、XR : 1000以上

Negative Controlのカットオフ

- SSO、CWD、XR : 100以下

ビーズカウント

- SSO : 75以上
- CWD、XR : 50以上

Positive controlビーズの値が規定値以下

- DNAの増幅不良
→DNA純度の確認、PCR試薬の状態やTaqの種類、増幅条件の確認
- 蛍光試薬の劣化
→SAPE溶液の状態確認

Negative controlビーズの値が高い

- 洗浄不足
→洗浄ステップの確認

ビーズカウントが規定値以下

- LABScan機器の不良
→プローブ洗浄、Monthlyメンテナンスの実施
- ウェル中のビーズ量が少なかった
→ビーズ添加時のボルテックスの確認、洗浄ステップの確認

検査成立基準以外の不良

- ネガティブコントロールサンプル（水）が増幅した
 - コンタミネーションの発生
 - 検体、試薬分注方法の確認



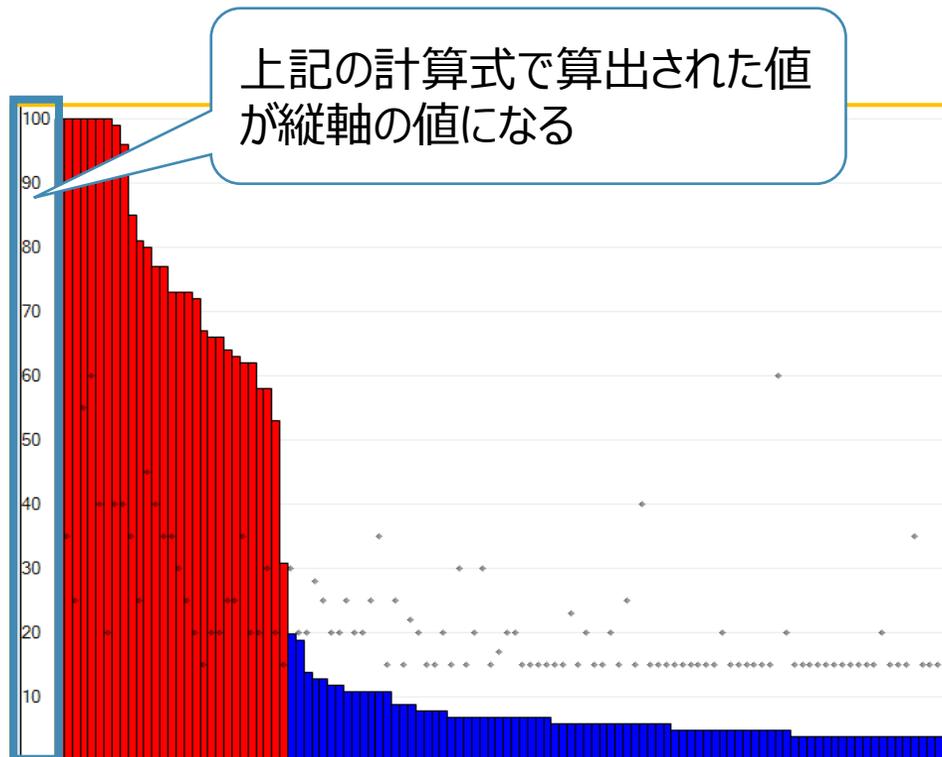
状況を確認し再検査

陽性/陰性の判定

- Normal値の算出方法

$$\text{(各ビーズ値-NCビーズ値)} / \text{(PCビーズ値-NCビーズ値)} \times 100(\%)$$

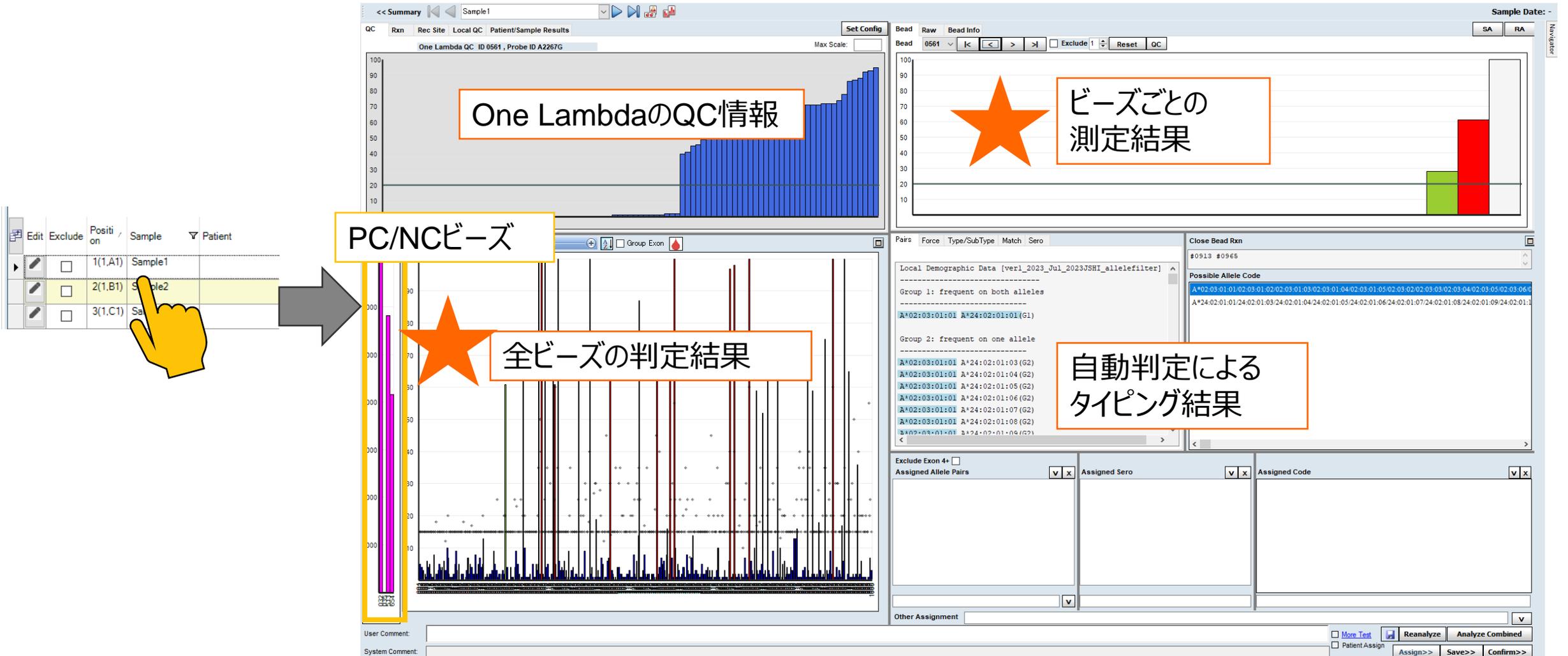
上記の計算式で算出された値とOne Lambda設定のカットオフ値を比較して陽性/陰性の判定が決まる



- 各ビーズの検出対象領域 (Exon) と同じ領域のPCビーズの値が使用される
 - 例：Exon2が対象のビーズはExon2のPCビーズの値が使われる
- PCRの増幅効率はDNAの品質やアレルの種類に影響を受けるため、PCビーズの値で割り算することで結果への影響を取り除いている

各検体の解析結果（全体）

- Summaryタブの検体名をダブルクリックすると、解析結果の画面が開く

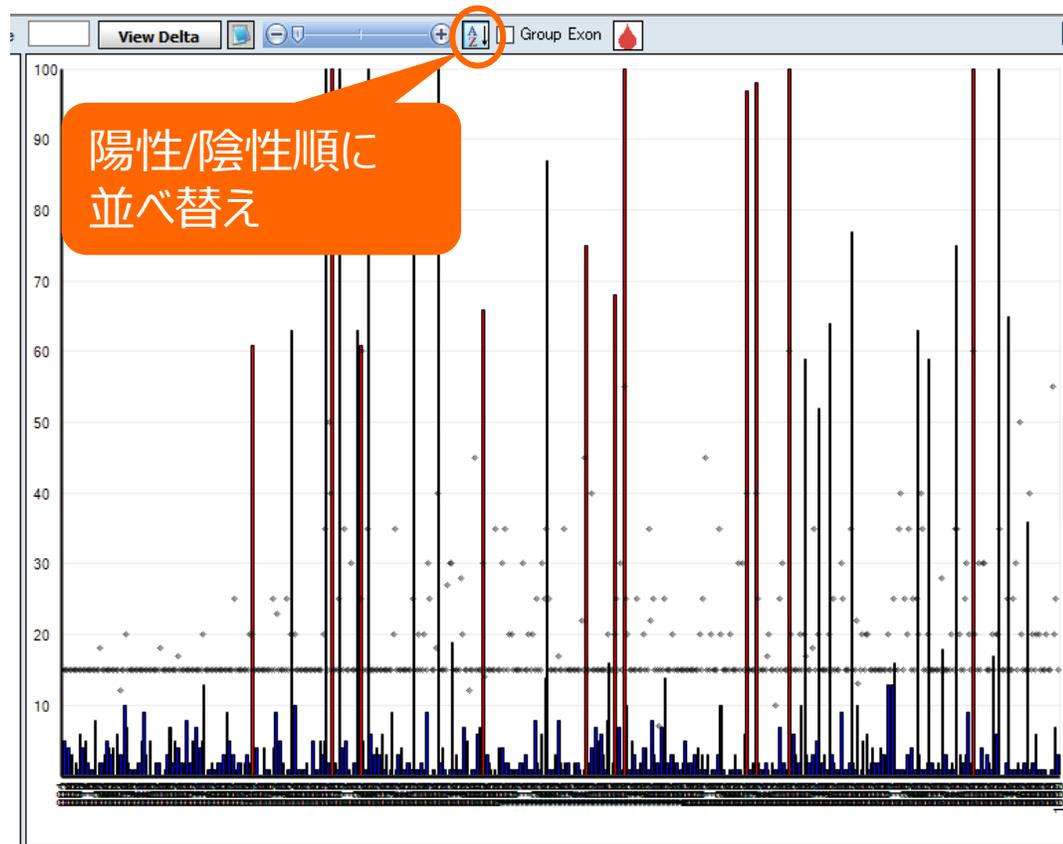


The screenshot displays the Veritas software interface with several key components:

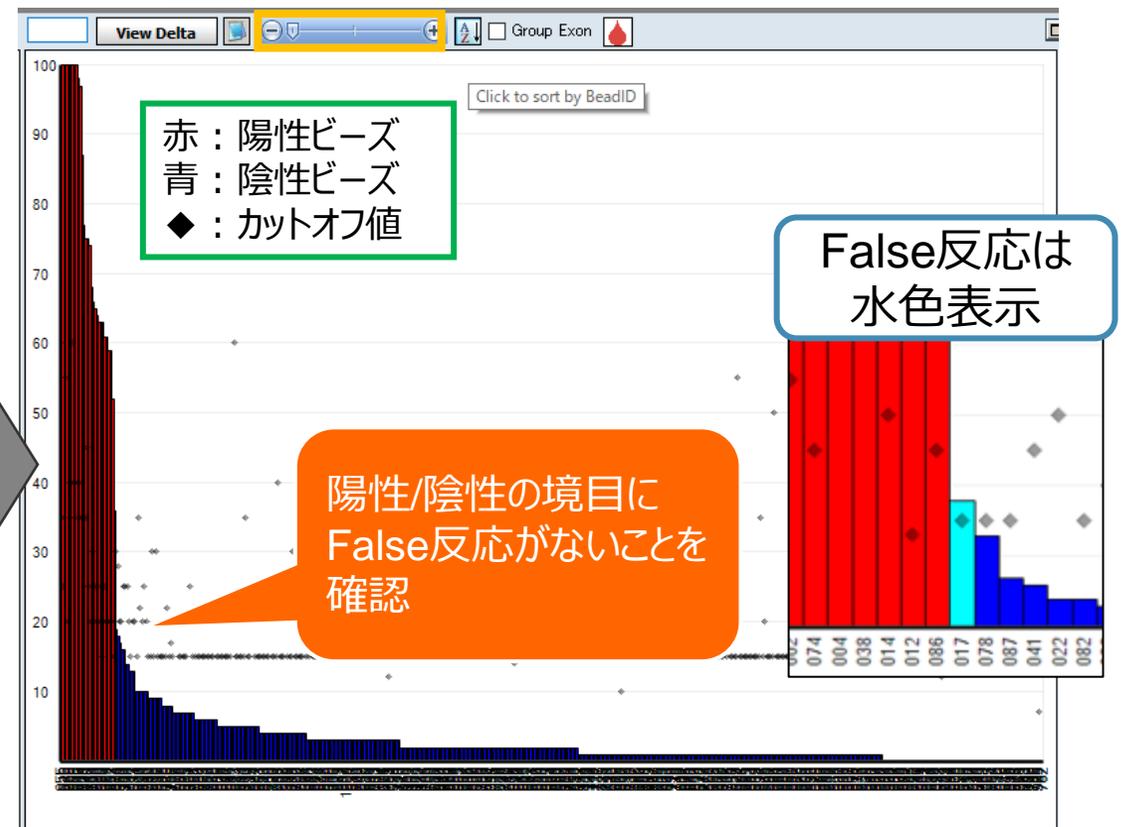
- Summary Table:** A table with columns for Edit, Exclude, Position, Sample, and Patient. A yellow arrow points from the 'Sample2' entry to the main analysis plot.
- QC Plot:** A bar chart titled 'One LambdaのQC情報' (QC information for One Lambda) showing signal intensity for probe ID A2267G.
- Bead Results:** A bar chart titled 'ビーズごとの測定結果' (Measurement results for each bead) showing signal intensity for bead ID 0561.
- PC/NC Beads:** A vertical bar chart titled 'PC/NCビーズ' (PC/NC beads) showing the distribution of positive (P) and negative (N) control beads.
- All Bead Judgments:** A large plot titled '全ビーズの判定結果' (Judgment results for all beads) showing the overall analysis results for all beads.
- Automatic Typing Results:** A panel titled '自動判定によるタイピング結果' (Typing results by automatic judgment) showing local demographic data and possible allele codes.

ビーズの反応の確認①

- 陽性/陰性で並びかえ、全体の反応性や陽性と陰性の境目のビーズを確認する
 - 陽性・陰性の境目が明確か
 - False反応のビーズがあるかどうか

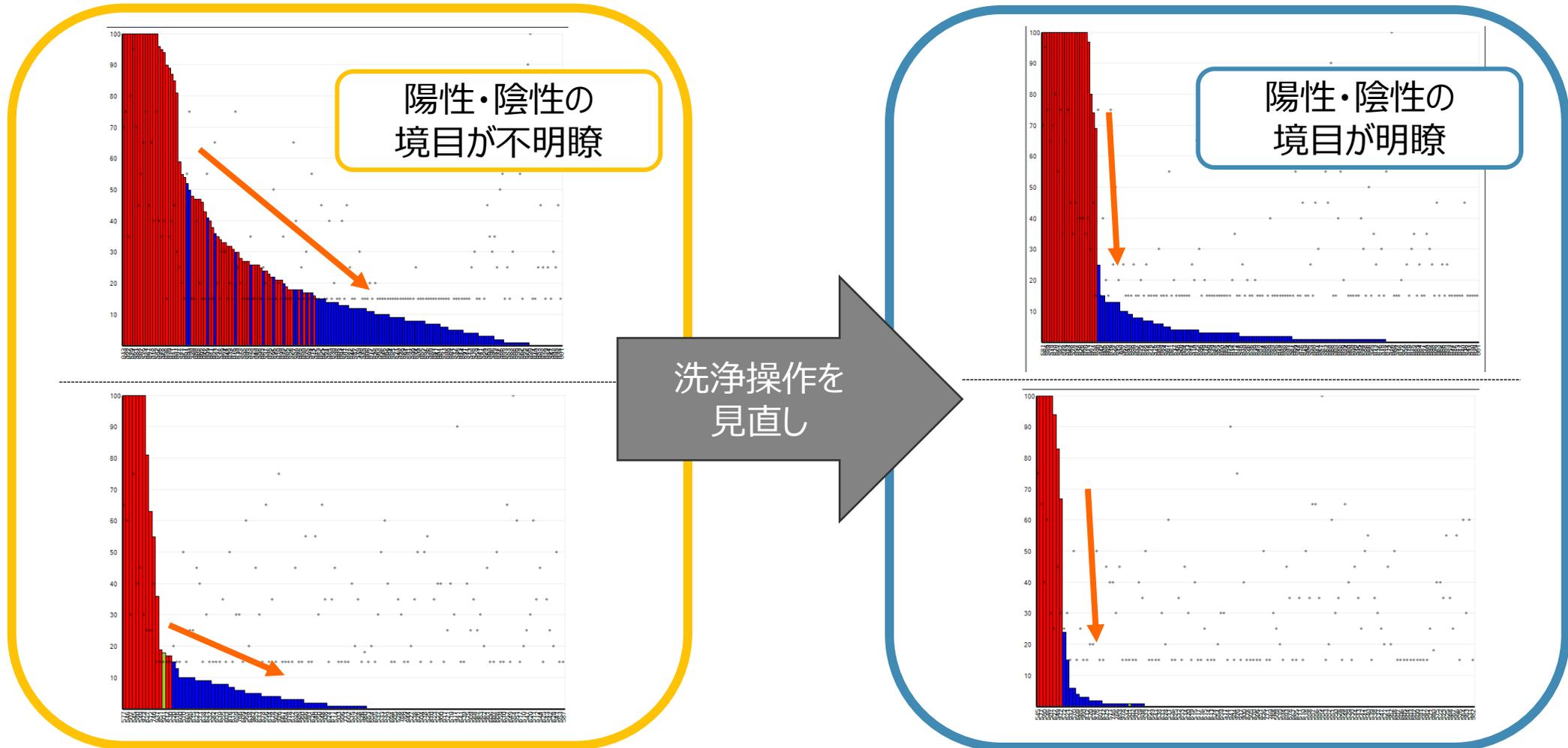


グラフの拡大/縮小



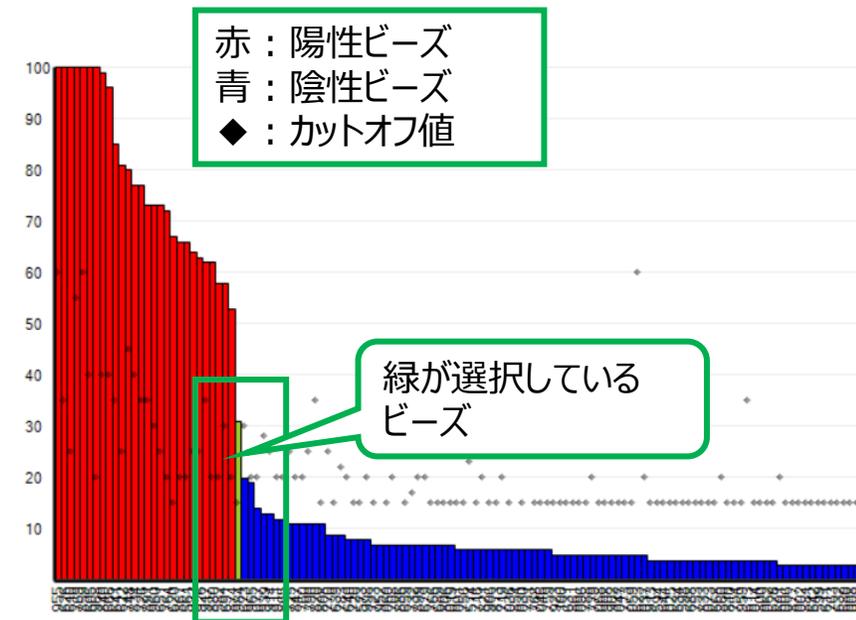
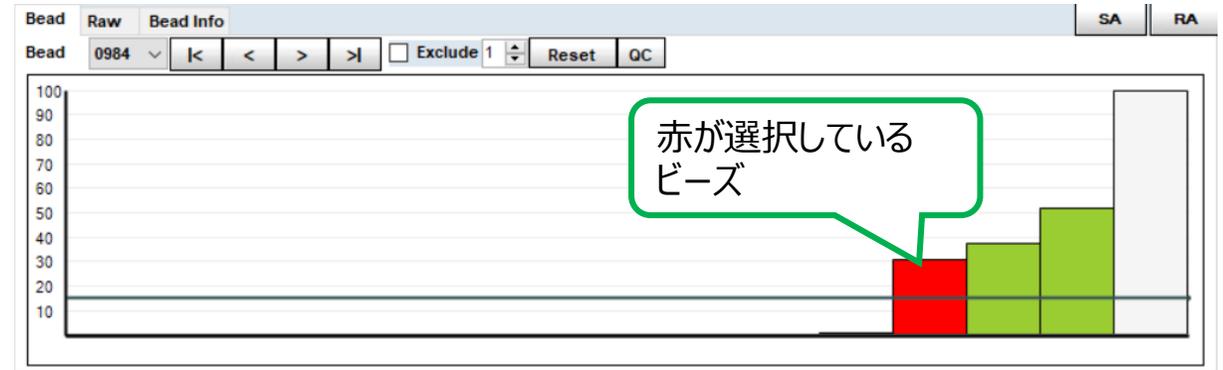
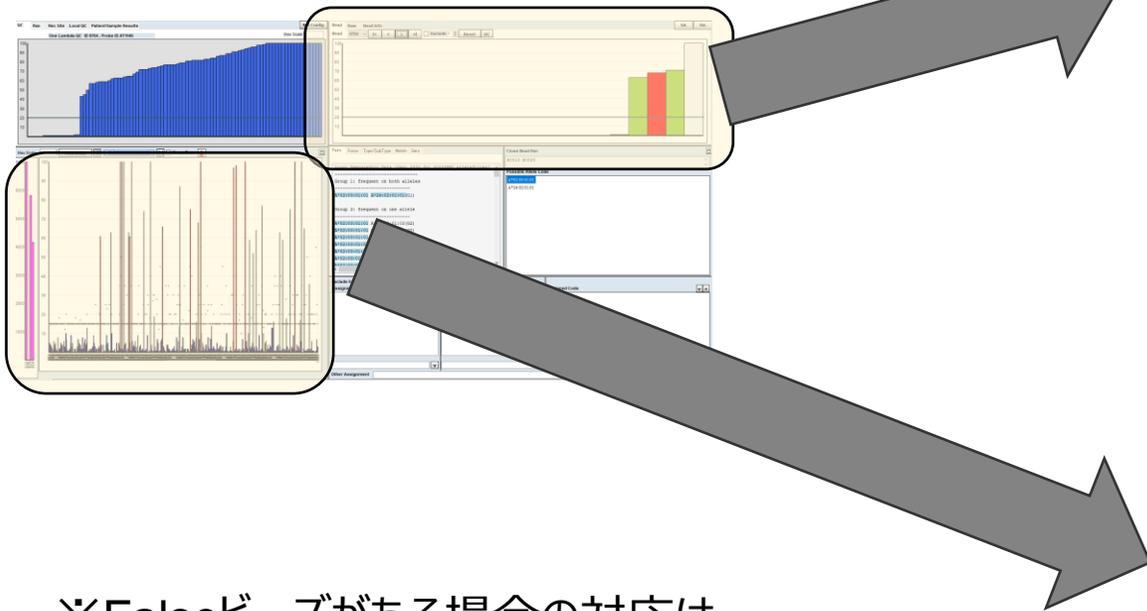
⚠ ビーズの反応性の確認

- 洗浄が不十分な場合やハイブリダイゼーション反応に不備がある場合、判定困難となります



ビーズの反応の確認② False反応のビーズがない場合

- ビーズ#ごとの反応性（とくに陽性/陰性の境目）をBeadウィンドウで確認
- 反応性に問題がない場合は解析終了



※Falseビーズがある場合の対応は
この後説明いたします

血清型ファイル、カタログファイル、日本人フィルタのインポート

解析の設定

csvファイルのインポート

測定結果の確認、アサイン

結果の保存、レポート出力

解析結果の記録・保存

- 結果表示ウィンドウからダブルクリックで結果を記録、Saveで保存

The screenshot displays the HLA typing software interface. On the left, there are two graphs: a blue histogram and a chromatogram. A grey arrow points from a smaller inset window to the main results area. The main window is divided into several sections:

- Local Demographic Data [ver1_2023_Jul_2023JSHI_allelefilter]**: Shows two groups of alleles. Group 1 is 'frequent on both alleles' and Group 2 is 'frequent on one allele'. A list of allele pairs is shown, with 'A*02:03:01:01 A*24:02:01:01 (G1)' highlighted in blue.
- Close Bead Rxn**: Shows '#0913 #0965' and a list of 'Possible Allele Code' with two lines highlighted in yellow.
- Assigned Allele Pairs**: Shows 'A*02:03:01:01 A*24:02:01:01' highlighted in blue.
- Assigned Sero**: Shows 'A203 A24' highlighted in green.
- Assigned Code**: Shows a long string of allele codes with two lines highlighted in yellow.

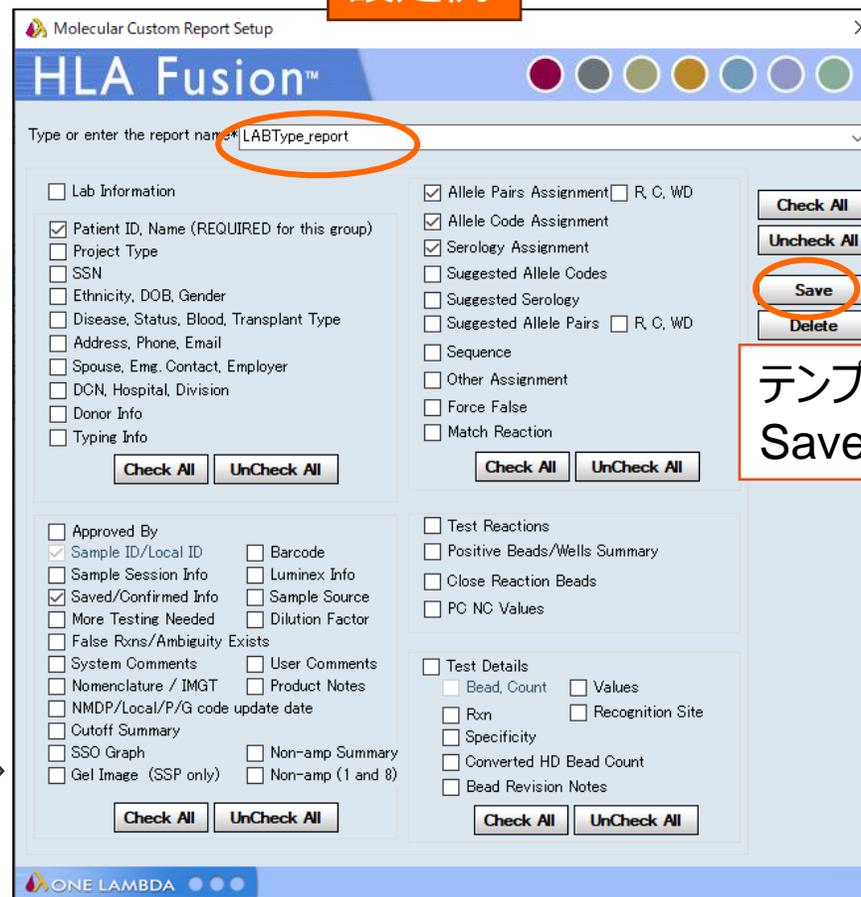
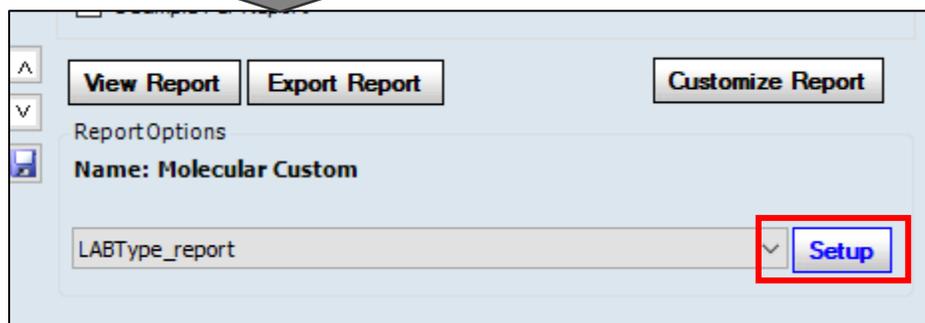
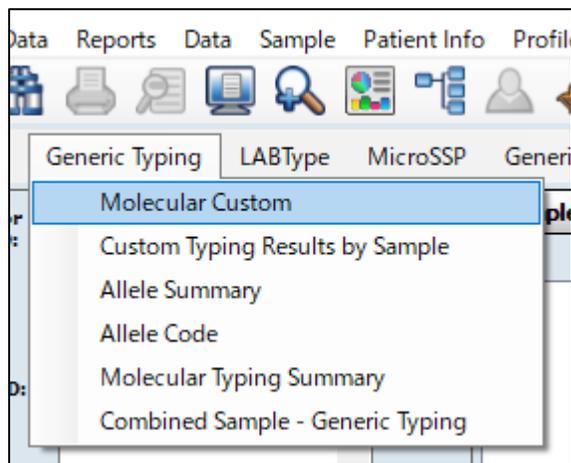
A text box in the center states: **タイピング結果として記録され、レポートに表示される** (Recorded as typing results and displayed in the report).

At the bottom right, a button labeled **Save** is circled in red, with a text box above it stating: **Saveをクリックして保存** (Click Save to save).

レポート出力項目の設定

- Reports>Generic Typing>Molecular Custom
- Setupで出力したい項目を設定、テンプレートとして保存

設定例

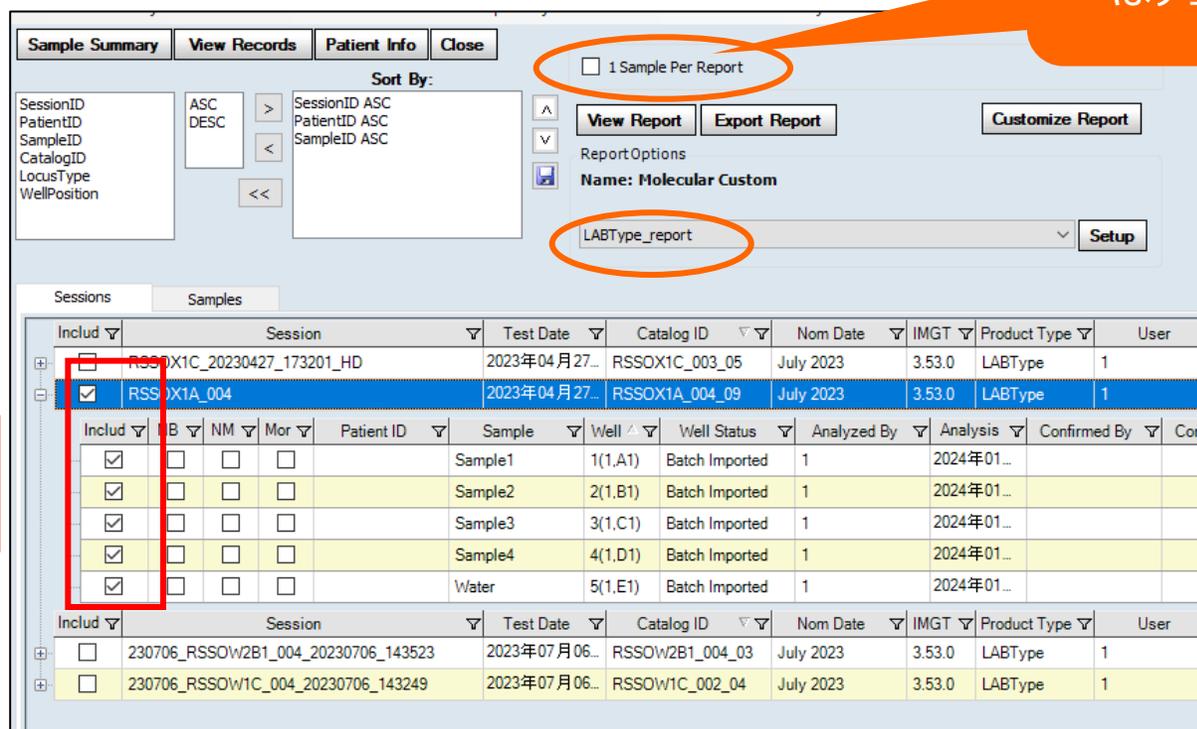


テンプレート名を入力し
Save

レポート出力

- 出力したいセッションや検体名を選択
- テンプレートを指定
- View Reportでプレビュー、印刷
- Export Reportで出力（csvやpdfなど任意の形式で保存）

1検体ずつ別ファイルに保存する場合はチェックを入れExport Report



The screenshot shows the 'Sample Summary' window with the following elements:

- Buttons: Sample Summary, View Records, Patient Info, Close
- Sort By: SessionID ASC, PatientID ASC, SampleID ASC
- Buttons: View Report, Export Report, Customize Report
- Report Options: Name: Molecular Custom
- Dropdown menu: LABType_report (circled in orange)
- Checkbox: 1 Sample Per Report (circled in orange)

The table below shows the data for the selected session:

Includ	Session	Test Date	Catalog ID	Nom Date	IMGT	Product Type	User
<input type="checkbox"/>	RSSOX1C_20230427_173201_HD	2023年04月27...	RSSOX1C_003_05	July 2023	3.53.0	LABType	1
<input checked="" type="checkbox"/>	RSSOX1A_004	2023年04月27...	RSSOX1A_004_09	July 2023	3.53.0	LABType	1

Includ	LB	NM	Mor	Patient ID	Sample	Well	Well Status	Analyzed By	Analysis	Confirmed By	Conf
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample1	1(1,A1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample2	2(1,B1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample3	3(1,C1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Sample4	4(1,D1)	Batch Imported	1	2024年01...		
<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		Water	5(1,E1)	Batch Imported	1	2024年01...		

Includ	Session	Test Date	Catalog ID	Nom Date	IMGT	Product Type	User
<input type="checkbox"/>	230706_RSSOW2B1_004_20230706_143523	2023年07月06...	RSSOW2B1_004_03	July 2023	3.53.0	LABType	1
<input type="checkbox"/>	230706_RSSOW1C_004_20230706_143249	2023年07月06...	RSSOW1C_002_04	July 2023	3.53.0	LABType	1

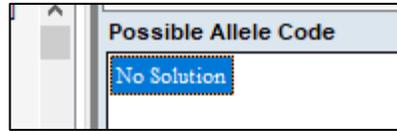
レポートに出力する
検体を選択

- Setupで選択した項目が出力される

LABType_report

Patient ID:		Name:	
Sample ID: Sample1		Local ID:	
Sample Date:	Test	4 27, 2023	
Saved By: 1, 1	Date: 2 19, 2024	Confirmed By:	Date:
Interpretation			
Assigned Allele Code	A*02:03:01:01/02:03:01:02/02:03:01:03/02:03:01:04/02:03:01:05/02:03:02/02:03:03/02:03:04/02:03:05/02:03:06/02:03:07/02:03:08/02:03:09/02:03:10/02:774/02:775N/02:833N/02:971/02:1068Q/02:1070 A*24:02:01:01/24:02:01:03/24:02:01:04/24:02:01:05/24:02:01:06/24:02:01:07/24:02:01:08/24:02:01:09/24:02:01:10/24:02:01:11/24:02:01:12/24:02:01:13/24:02:01:14/24:02:01:15/24:02:01:16/24:02:01:17Q/24:02:01:18/24:02:01:19/24:02:01:20/24:02:01:21/24:02:01:22/24:02:01:23/24:02:01:24/24:02:01:25/24:02:01:26/24:02:01:27/24:02:01:28/24:02:01:29/24:02:01:30/24:02:01:31/24:02:01:32/24:02:01:33/24:02:01:34/24:02:01:35/24:02:01:36/24:02:01:37/24:02:01:38/24:02:01:39/24:02:01:40/24:02:01:41/24:02:01:42/24:02:01:43/24:02:01:44/24:02:01:45/24:02:01:46/24:02:01:47/24:02:01:48/24:02:01:49/24:02:01:50/24:02:01:51/24:02:01:52/24:02:01:53/24:02:01:54/24:02:01:55/24:02:01:56/24:02:01:57/24:02:01:58/24:02:01:59/24:02:01:60/24:02:01:61/24:02:01:62/24:02:01:63/24:02:01:64/24:02:01:65/24:02:01:66/24:02:01:67/24:02:01:68/24:02:01:69/24:02:01:70/24:02:01:71/24:02:01:72/24:02:01:73/24:02:01:74/24:02:01:75/24:02:01:76/24:02:01:77/24:02:01:78/24:02:01:79/24:02:01:80/24:02:01:81/24:02:01:82/24:02:01:83/24:02:01:84/24:02:01:85/24:02:01:86/24:02:01:87/24:02:01:88/24:02:01:89/24:02:01:90/24:02:01:91/24:02:01:92/24:02:01:93/24:02:01:94/24:02:01:95/24:02:01:96/24:02:01:97/24:02:01:98/24:02:01:99/24:02:01:100/24:02:01:101/24:02:01:102/24:02:01:103/24:02:01:104/24:02:01:105/24:02:01:106/24:02:01:107/24:02:01:108/24:02:01:109/24:02:01:110/24:02:01:111/24:02:01:112/24:02:01:113/24:02:01:114/24:02:01:115/24:02:01:116/24:02:01:117/24:02:01:118/24:02:01:119/24:02:01:120/24:02:01:121/24:02:01:122/24:02:01:123/24:02:01:124/24:02:01:125/24:02:01:126/24:02:01:127/24:02:01:128/24:02:01:129/24:02:01:130/24:02:01:131/24:02:01:132/24:02:01:133/24:02:01:134/24:02:01:135/24:02:01:136/24:02:04/24:02:05/24:02:06/24:02:10/24:02:13/24:02:14/24:02:18/24:02:19/24:02:20/24:02:22/24:02:24/24:02:25/24:02:26/24:02:28/24:02:30/24:02:31/24:02:32/24:02:35/24:02:36/24:02:37/24:02:39/24:02:41/24:02:42/24:02:43/24:02:44/24:02:46/24:02:47/24:02:48/24:02:50/24:02:51/24:02:52/24:02:53/24:02:54/24:02:56/24:02:57/24:02:59/24:02:62/24:02:63/24:02:64/24:02:65/24:02:66/24:02:67/24:02:68/24:02:76/24:02:77/24:02:78/24:02:79/24:02:80/24:02:81/24:02:82/24:02:83/24:02:84/24:02:85/24:02:86/24:02:87/24:02:90/24:02:91/24:02:92/24:02:94/24:02:95/24:02:97/24:02:98/24:02:99/24:02:101/24:02:102:01/24:02:102:02/24:02:103/24:02:104/24:02:105/24:02:108/24:02:109/24:02:110/24:02:113/24:02:114/24:02:116/24:02:117/24:02:118/24:02:119/24:02:120/24:02:121/24:02:123/24:02:124/24:02:125/24:02:126/24:02:127/24:02:128/24:02:129/24:02:131/24:02:132/24:02:133/24:02:134/24:02:135/24:02:136/24:02:139/24:02:140/24:02:141/24:02:143/24:02:145/24:02:147/24:02:149/24:02:150/24:02:151/24:02:154/24:02:155/24:02:156/24:02:159/24:02:161/24:02:162/24:02:163/24:02:166/24:02:167/24:353/24:385/24:388N/24:389N/24:391/24:392/24:393/24:398/24:400/24:401/24:402/24:416/24:417/24:418/24:419/24:422/24:423/24:426N/24:428N/24:431:01/24:431:02/24:432/24:433N/24:434N/24:436/24:437/24:442/24:443/24:445N/24:448N/24:451/24:454/24:455/24:456N/24:460:01/01/24:460:01:02/24:462/24:463/24:464/24:465/24:466/24:469/24:469/24:470/24:473Q/24:474/24:476/24:479Q/24:480/24:484/24:486/24:487/24:490/24:492/24:496/24:497/24:500/24:501/24:507/24:509/24:511/24:513Q/24:518N/24:519/24:520/24:521/24:529N/24:530/24:533/24:536Q/24:538/24:543/24:545/24:547/24:548/24:549/24:550/24:552/24:554/24:558/24:564/24:565/24:567N/24:568N/24:571/24:573/24:575/24:576N/24:578/24:581/24:582/24:585:01/24:585:02/24:587/24:591/24:592/24:594/24:595/24:596N/24:602		
Assigned Serology:	A203 A24		
Assigned Allele Pairs	A*02:03:01:01 A*24:02:01:01		

No Solutionとなった場合



考えられる要因の一例

同一測定的全検体・ローカスで起こっている

Luminex機器の不良

サーマルサイクラーの不良、プログラムの設定が異なる

試薬（バッファー、ビーズ、プライマー、酵素、蛍光試薬）の不良

中和、ハイブリダイゼーション、洗浄操作の不備

同一測定の特定のローカスで起こっている

プライマーorビーズを添加していない、あるいは異なる組み合わせで使用した

異なるテンプレートファイルを使用した

異なるカタログファイルを使用した

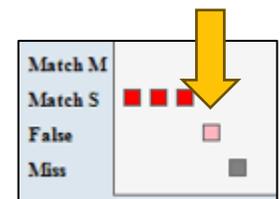
特定の検体で起こっている

検体のDNAの品質・濃度が適切ではない

検体に新規変異アレルが含まれる

（日本人フィルタを使用している場合）海外の方の検体

SummaryタブでFalseとなった場合、偽陰性・偽陽性反応が含まれる
→Falseビーズがある場合の対応



Falseビーズの確認

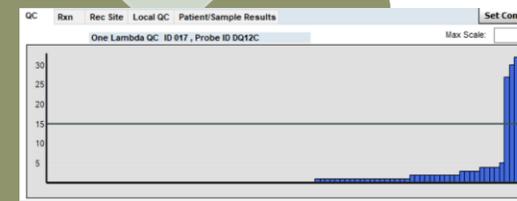
Pairs	Force	Type/SubType	Match	Sero
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:01		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:02		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:03		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:04		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:02:05		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:01		FP#	017
DQB1*03:02:10	DQB1*03:03:03:02		FP#	017

プローブの確認

Bead	Raw	Bead Info
Bead ID #: 017		Rec Site: 24-L---Y-32
Probe ID: DQ12C		Exon 2

DQB1*06:02:07, DQB1*06:05:01, DQB1*06:05:02, DQB1*06:06, DQB1*06:09:01:01, DQB1*06:09:01:02, DQB1*06:09:06, DQB1*06:09:07, DQB1*06:09:08, DQB1*06:09:09, DQB1*06:09:10, DQB1*06:09:11, DQB1*06:09:12, DQB1*06:11:04, DQB1*06:12, DQB1*06:18:01, DQB1*06:18:02, DQB1*06:22:02, DQB1*06:42, DQB1*06:66, DQB1*06:118:01, DQB1*06:118:02, DQB1*06:118:04, DQB1*06:121, DQB1*06:129, DQB1*06:142, DQB1*06:189, DQB1*06:282, DQB1*06:287, DQB1*06:299, DQB1*06:319:01, DQB1*06:339, DQB1*06:348, DQB1*06:353, DQB1*06:432, DQB1*06:441

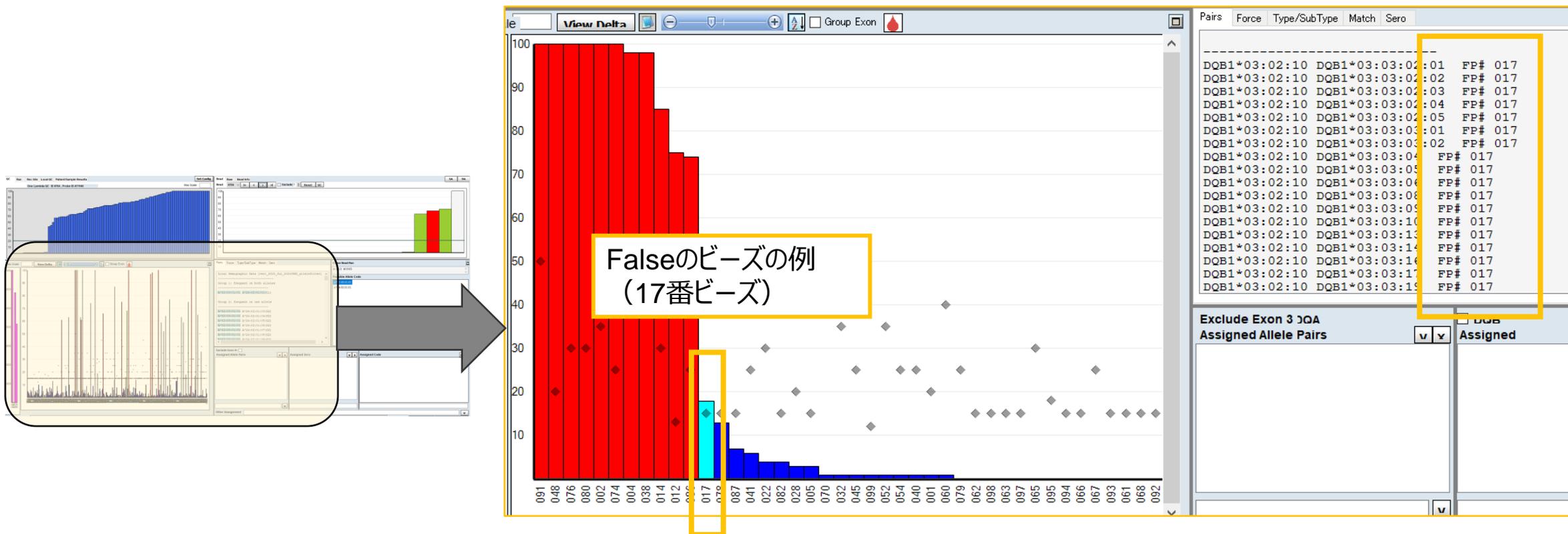
One LambdaのQC結果の確認



カットオフ値の変更/再検査の判断

Falseビーズの確認

- 全ビーズの判定結果のグラフとPairsタブで確認



プローブの確認

- Beadタブで各検体の該当ビーズの反応性を確認
- Bead Infoタブでビーズに結合しているプローブの情報を確認

表示するビーズの変更

同時に測定した全ての検体の結果が表示

- 赤：解析している検体の結果
- 緑：他の検体の結果
- 白：PCビーズが検査成立基準を満たしていない検体の結果

ビーズに結合しているプローブの認識
部位&対象アレル

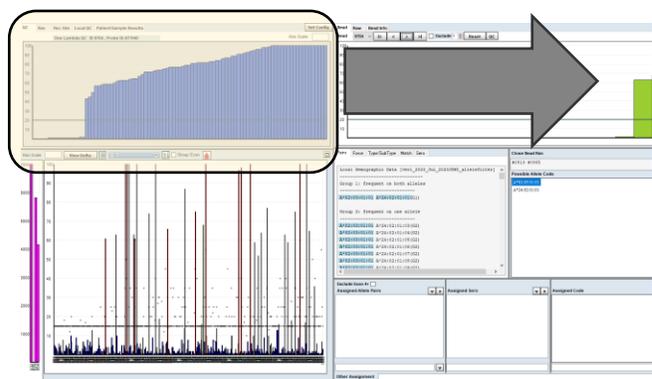
Bead ID #: 017 Rec Site: 24-L---Y-32
Probe ID: DQ12C
Exon 2

DQB1*06:02:07, DQB1*06:05:01, DQB1*06:05:02, DQB1*06:06, DQB1*06:09:01:01, DQB1*06:09:01:02, DQB1*06:09:02, DQB1*06:09:03, DQB1*06:09:05,
DQB1*06:09:06, DQB1*06:09:07, DQB1*06:09:08, DQB1*06:09:09, DQB1*06:09:10, DQB1*06:09:11, DQB1*06:09:12, DQB1*06:11:02, DQB1*06:11:03,
DQB1*06:11:04, DQB1*06:12, DQB1*06:18:01, DQB1*06:18:02, DQB1*06:22:02, DQB1*06:42, DQB1*06:66, DQB1*06:88:01:01, DQB1*06:88:01:02, DQB1*06:94,
DQB1*06:118:01, DQB1*06:118:02, DQB1*06:121, DQB1*06:129, DQB1*06:142, DQB1*06:189, DQB1*06:207, DQB1*06:275, DQB1*06:281, DQB1*06:282,
DQB1*06:287, DQB1*06:299, DQB1*06:319, DQB1*06:339, DQB1*06:348, DQB1*06:353, DQB1*06:358

参考) 各ビーズの反応性を確認する場合 : Reaction Table

- 左上のRxnタブで表示

空欄にアレルを入力してFindをクリック
→陽性となるビーズ (アレルに結合するプローブを持つビーズ) が「X」で表示



QC	Rxn	Rec Site	Local QC	Patient/Sample Results																			Set		
				102	143	156	158	162	176	185	290	358	395	401	412	437	475	480	488	493	503	452	122	147	199
				0561	0605	0620	0622	0626	0641	0651	0764	0834	0874	0880	0891	0917	0955	0960	0968	0973	0984	0932	0582	0610	066
Sample Rxn	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:01:01:01	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:01	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:02	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:03	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:04	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:05	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:06	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:07	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:08	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:09	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:10	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:11	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
A*02:06:01:12	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

Sample Rxn (1番上の青字) : 検体の結果陽性と判定されたビーズが「X」で表示

Tableの見方

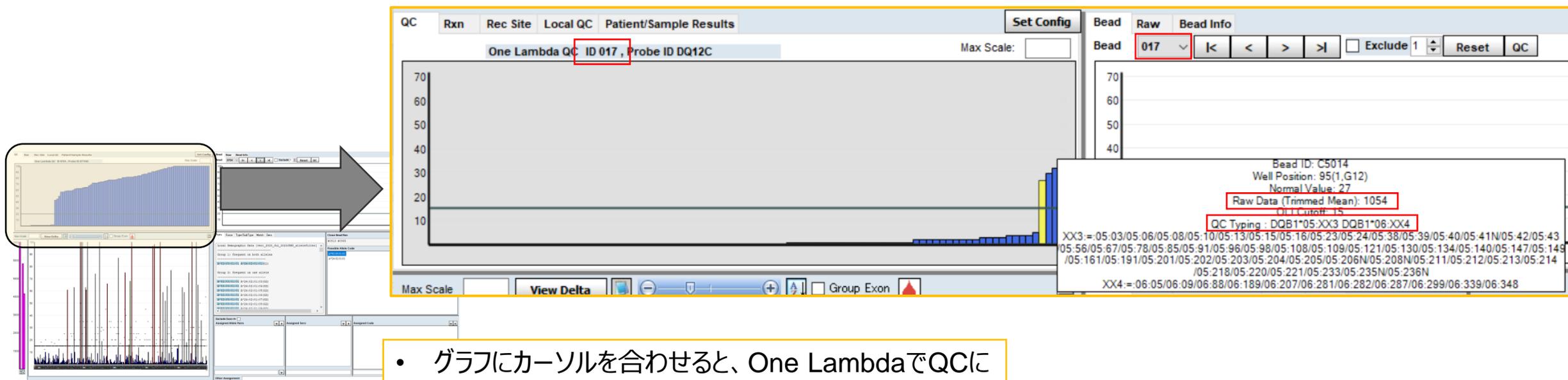
例1) 932番ビーズにはA*02:01:01:01を認識するプローブが付いているが、A*02:06:01:01を認識するプローブはついていない

例2) 917番、960番ビーズにはA*02:06:01:01を認識するプローブが付いているが、A*02:01:01:01を認識するプローブはついていない

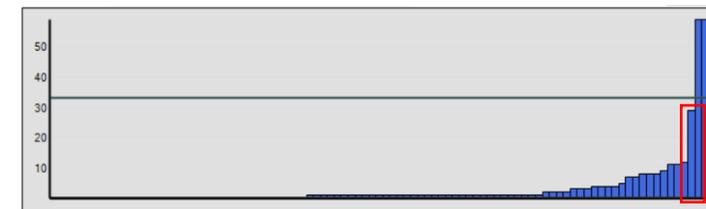
→932番ビーズが陰性、917番、960番ビーズが陽性なので、この検体はA*02:01:01:01でないことがわかる

One LambdaのQC結果の確認

- QCタブでOne Lambda QCパネルにおける該当ビーズの反応性を確認

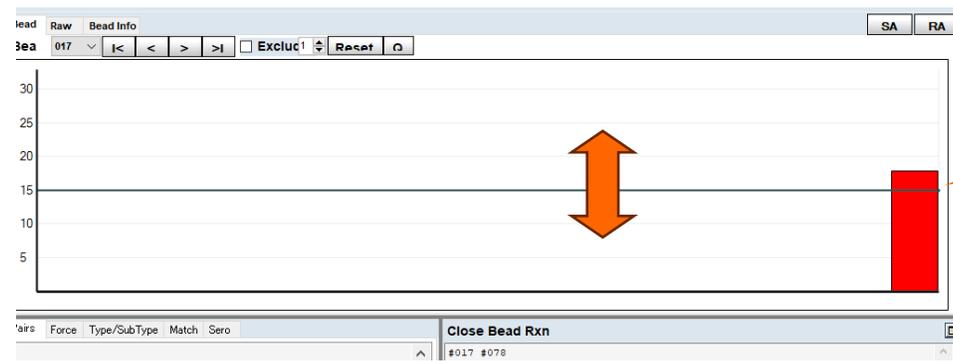


- グラフにカーソルを合わせると、One LambdaでQCに使用した検体の情報が表示される
- 表示例はDQB1*05/DQB1*06のDNAを使用した結果で、Raw Dataは1054
- カットオフ値に近い結果の検体情報を確認することで、False反応が起こりやすい（カットオフ値付近の結果になりやすい）アレルがわかる



カットオフ値の変更/再検査の判断

- ①ビーズに結合しているプローブをもとに反応するアレルを確認
 - ②One LambdaのQC結果を確認
 - ③測定結果がOne Lambdaのカットオフ値と比較してどの程度乖離しているかを確認
 - ④ハプロタイプ（他のローカスのタイピング結果がある場合）
- 上記情報を総合し、「カットオフ値を変更」、「再検査を行う（SSO、もしくは別法）」等の判断をお願いします

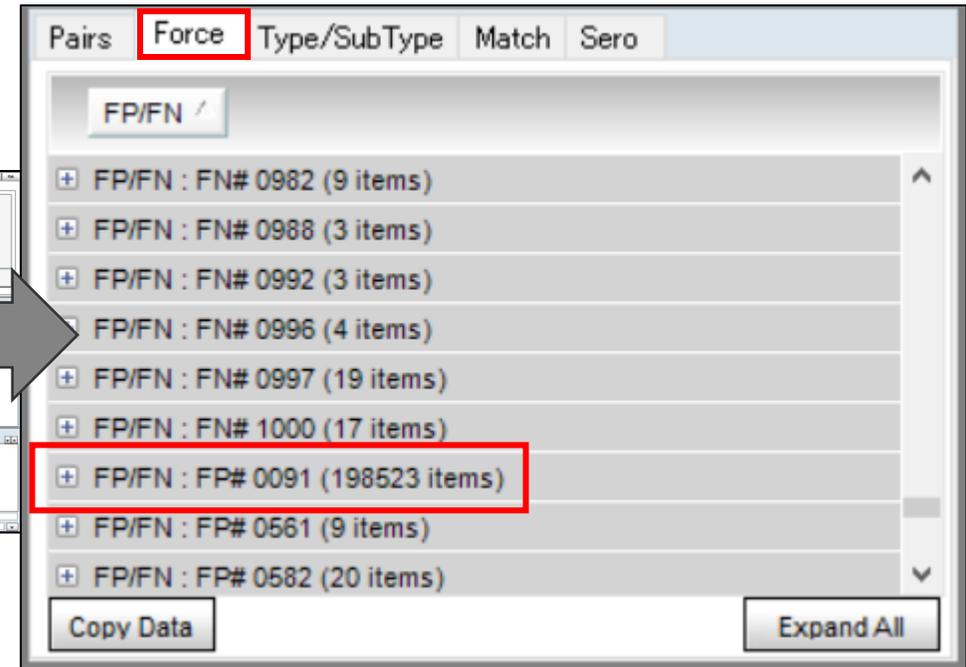
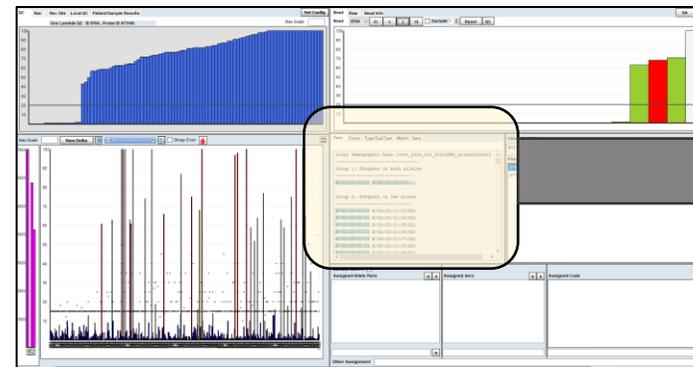
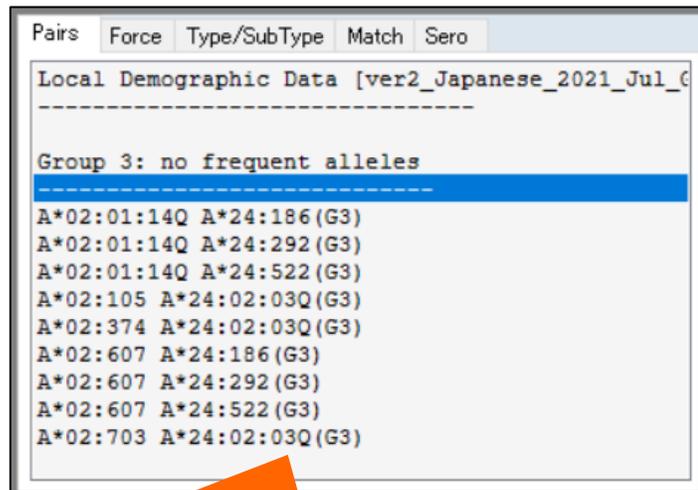


カットオフラインを動かすことで、陰性/陽性の判定が変更される

カットオフ値を変更するビーズの数、カットオフ値を変更する割合等、基準を各施設様で設定することを推奨します

FalseビーズはないがG1の結果が表示されない場合

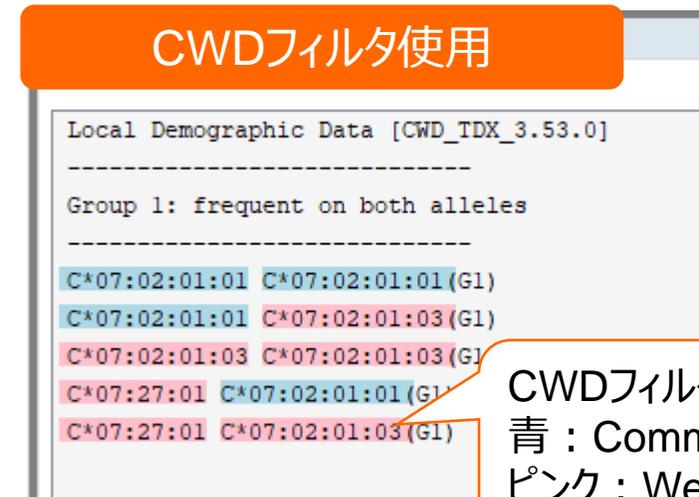
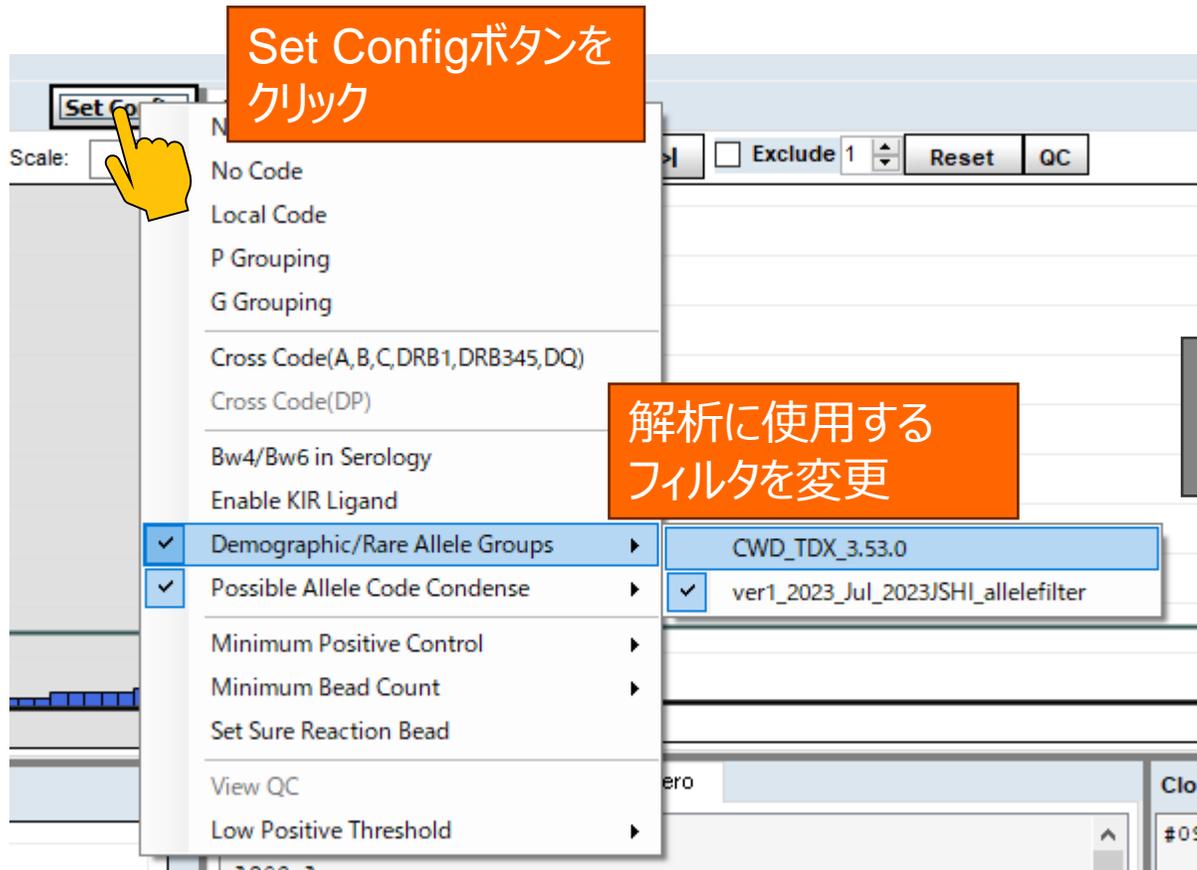
- ① 海外の方の検体の場合はフィルターを変更して解析を試す
- ② ForceタブでFalse反応の可能性が高いビーズを確認、その後はFalse反応ビーズの確認と同じ手順で確認
 - カットオフ値の変更/再検査/結果採用の判断を行う



G3の結果しか表示されていない

参考) フィルターの変更方法

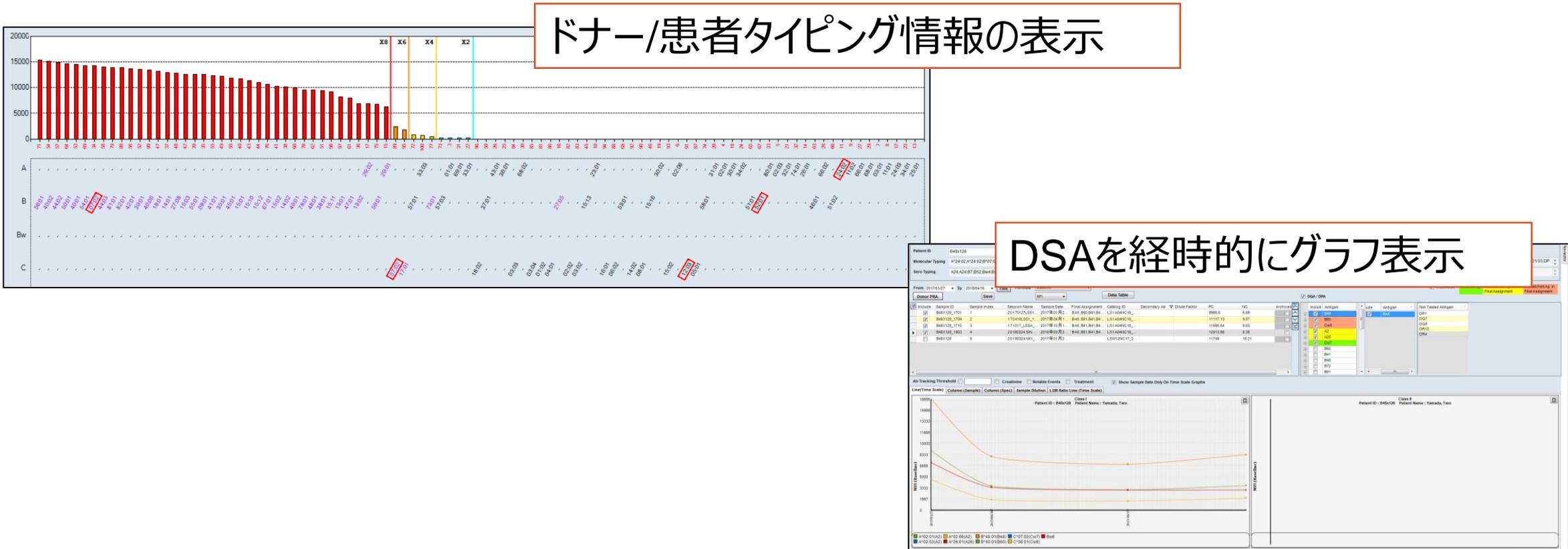
- 検体解析画面で個別にフィルタを変更する
 - 日本人以外の検体はCWDフィルタを使用した解析を推奨



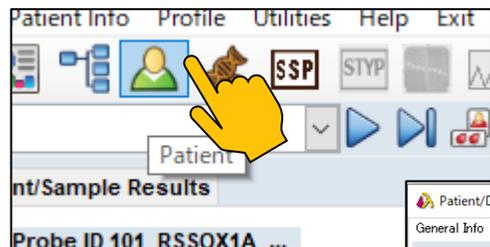
CWDフィルタの表示
 青 : Common
 ピンク : Well Document

移植検査でタイピング情報を活用する方法

- タイピング情報を患者・ドナー情報として登録するとMatchMakerによるエプレットマッチングが可能
- LABScreenの結果にも紐づけできる：タイピング情報の表示やDSAの確認・エプレット解析への活用が可能



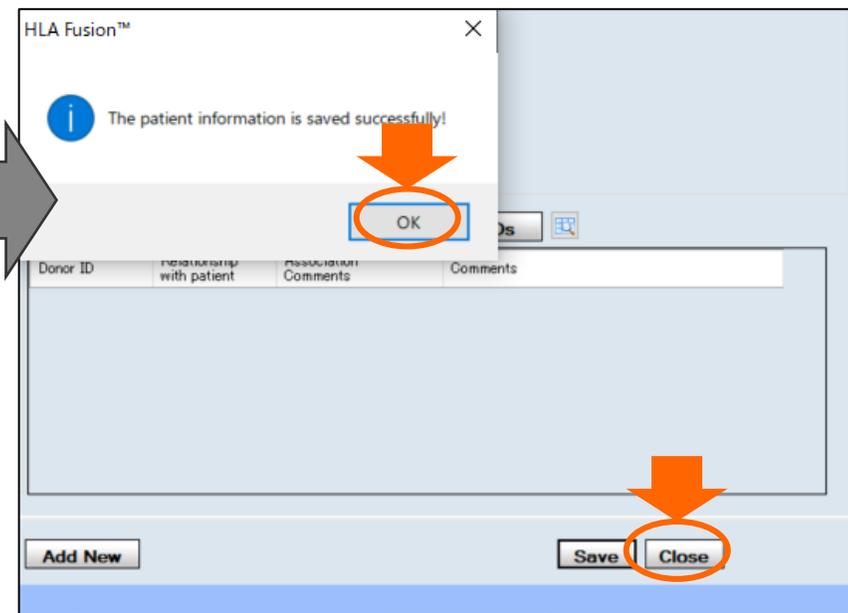
患者・ドナー情報の登録



解析結果の保存後、解析画面上のPatientボタンをクリック

患者・ドナーの別

保存後、OK→Closeの順にクリック



タイピング結果の登録

- サンプルIDが同じ検体は自動的に情報が登録される
- 全ローカスで同じサンプルIDにすることを推奨

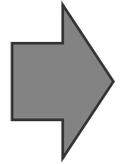
登録情報が正しく表示されていることを確認

登録される内容

Patient Assignにチェックを入れ、Saveをクリック

登録内容の確認

解析画面上の
Patientボタンをクリック



HLA Tests

Associate Sample IDs

サンプルID

Class I			Class II			
A	B	C	DRB1	DRB3	DRB4	DRB5
02:03:01:01/02:03						
24:02:01:01/24:02						

HLA Assignments Serology

Class I		Class II			
A	B	DR	DR(01,02,03)	DQ	DP
203					
24					

Seroの情報

Only digits, "BLANK", "Low", - and / are accepted in serology fields.

Antibody Assignments

Class I Antibody

Class II Antibody

MIC Antibody Specificity

Unacceptable Antigens

Acceptable Antigens

Unacceptable Epitopes

Class I

Class II

MIC

Other

MICA

MICB

KIR

Antibody Tested:

AM DFC

NMDP HaploStats

CP

Saveをクリックして保存

Save

Close

Possible Allele Codeの情報
※No Code + G1~G3すべて表示にしている場合は、
不要なAmbiguityも登録されるため削除が必要

A	A
02:03:01:01/02:03	02:03
24:02:01:01/24:02	24:02

登録内容を編集したいとき
にチェックを入れる



こちらをご覧ください

- 抗体検査での活用方法については昨年10月開催の「今日から始めるHLA Vol.2 HLA抗体検査 第2部」でもご説明しています
- <https://www.veritastk.co.jp/sciencelibrary/learning/hla-video-compilation.html>

講習会

弊社社員による講習会の動画です。

 アイコンの動画はVERI+Clubに会員登録いただくと視聴できます。※前記以外の動画はどなたでも視聴可能です。

今後もウェビナー等の発信を積極的に行って参りますので、この機会にぜひVERI+Clubへ入会ください。

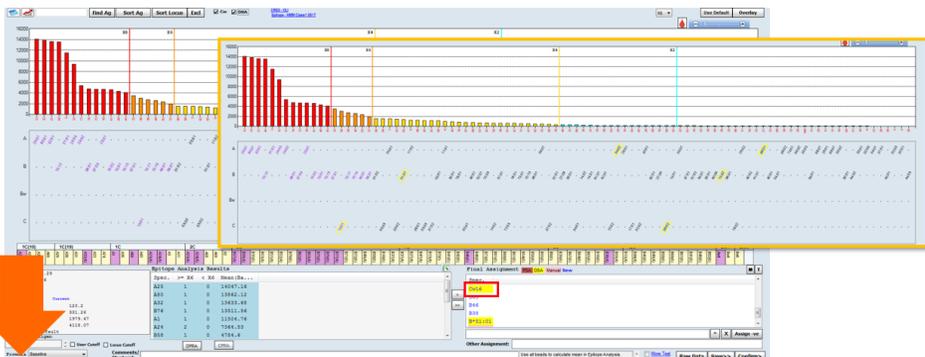
VERI+CLUBとは？

[詳細はこちら](#)

↓↓ スクロールします ↓↓

今日から始めるHLA Vol.1 HLA入門 第二部 HLA検査試薬	2023/5/23		
今日から始めるHLA Vol.2 HLA抗体検査入門 第一部 LABScreen試薬の概要と手技	2023/11/8		
今日から始めるHLA Vol.2 HLA抗体検査入門 第二部 LABScreen試薬の解析	2023/11/8		
今日から始めるHLA Vol.2 HLA抗体検査入門 第三部 LABScreenに使用する検体の前処理	2023/11/8		

DSAの表示



DSAが黄色でハイライト表示
(患者情報とドナー情報が登録されている場合のみ)

ご清聴ありがとうございました。ご質問はありますか。

